



UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO JEQUITINHONHA E MUCURI
Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal

Natalia Oliveira Silva

**MELHORAMENTO GENÉTICO DE COUVE-DE-FOLHAS: SEGUNDO CICLO DE
SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS**

Diamantina
2020

Natalia Oliveira Silva

**MELHORAMENTO GENÉTICO DE COUVE-DE-FOLHAS: SEGUNDO CICLO DE
SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Produção Vegetal da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, área de concentração Produção Vegetal, para obtenção do título de Doutora.

Orientador: Prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior

**Diamantina
2020**

Elaborado com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

S586m	<p>Silva, Natalia Oliveira</p> <p>Melhoramento genético de couve-de-folhas: segundo ciclo de seleção recorrente entre progênies de meios-irmãos / Natalia Oliveira Silva, 2020.</p> <p>71 p.: il.</p> <p>Orientador: Valter Carvalho de Andrade Júnior</p> <p>Tese (Doutorado– Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2020.</p> <p>1. <i>Brassica oleracea</i> var. <i>acephala</i>. 3. Parâmetros genéticos. 4. Modelos mistos. 5. Análise multivariada. 6. Diversidade genética. I. Andrade Júnior, Valter Carvalho de. II. Título.III. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.</p> <p>CDD 631.523</p>
-------	---

Ficha Catalográfica – Sistema de Bibliotecas/UFVJM

Bibliotecária: Viviane Pedrosa – CRB6/2641



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO JEQUITINHONHA E MUCURI

NATÁLIA OLIVEIRA SILVA

MELHORAMENTO GENÉTICO DE COUVE-DE-FOLHAS: SEGUNDO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE
PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS

Tese apresentada ao programa de Pós-Graduação em **Produção Vegetal - PPGPV** da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, **nível de Doutorado**, como requisito parcial para obtenção do título de **Doutor(a) em 06/11/2020**.

Orientador: Prof. Valter Carvalho de Andrade Júnior

Data de aprovação 06.11.2020.

Valter Carvalho de Andrade Júnior (UFLA)

Márcia Regina da Costa (UFVJM)

Alcinei Místico Azevedo (UFMG-ICA)

Orlando Gonçalves Brito (UFLA)



Documento assinado eletronicamente por **Valter Carvalho de Andrade Júnior, Usuário Externo**, em 09/11/2020, às 11:53, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Orlando Gonçalves Brito, Usuário Externo**, em 09/11/2020, às 13:01, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Alcinei Místico Azevedo, Usuário Externo**, em 09/11/2020, às 14:57, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Márcia Regina da Costa, Servidor**, em 09/11/2020, às 15:19, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufvjm.edu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **0177974** e o código CRC **DC7ECC52**.

A Deus por sempre estar comigo.

A meus pais, Marli e Geraldo, por todo o amor e incentivo.

A meus irmãos, Maria Clara e Guilherme, por todo o amor e carinho.

Ao Marcelo, por todo o incentivo e companheirismo.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por inúmeras graças derramadas em minha vida e por sempre me dar forças para conquistar meus objetivos.

À Nossa Senhora, por sua constante intercessão e por sempre me cobrir com seu manto sagrado.

Aos meus pais, Marli e Geraldo, pelo carinho, amor e apoio dados a mim durante toda a minha vida e por me ensinarem a ser resiliente diante das situações adversas que podem surgir em meu caminho. Vocês me inspiram a ser uma pessoa melhor a cada dia!

Aos meus irmãos, Maria Clara e Guilherme, pela amizade, companheirismo e por sempre estarem comigo.

Ao Marcelo, por todo o amor, carinho, compreensão e motivação de cada dia.

À Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) e ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal (PPGPV), pela oportunidade de realizar o doutorado e ampliar meus conhecimentos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Ao prof. Valter Carvalho de Andrade Júnior, pela orientação e por todo o conhecimento transmitido a mim ao longo desse período, pela paciência e confiança para a continuação do projeto.

À profa. Márcia Regina da Costa e ao prof. José Sebastião da Cunha, por todo o amparo na UFVJM e pelas valiosas conversas que foram essenciais na execução do projeto.

À banca examinadora da qualificação e defesa, pelas inúmeras contribuições para a melhoria do trabalho. Aos pós-doutorandos, Orlando Gonçalves e Amanda Guimarães, pelas inúmeras contribuições durante todo o projeto.

Aos amigos do Núcleo de Estudo e Pesquisas em Olericultura (NEPO), pela troca de conhecimento e apoio nas avaliações experimentais.

Aos amigos da pós-graduação pela oportunidade do convívio e pelos dias de estudos, que, com certeza, foram essenciais para o meu crescimento pessoal e profissional.

Ao Ministério Universidades Renovadas – Diamantina, pela amizade, partilhas e todo o carinho que contribuíram para o meu crescimento espiritual.

Muito obrigada!

RESUMO

Objetivou-se com este trabalho estimar os parâmetros genéticos, prever os ganhos com a seleção dos indivíduos superiores e avaliar a divergência genética entre progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas. O trabalho foi realizado em duas etapas referentes à recombinação e obtenção de sementes, e posterior avaliação de 25 progênies meios-irmãos pré-selecionadas do programa de melhoramento da couve-de-folhas da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), ambas realizadas no Setor de Olericultura, de janeiro de 2018 a setembro de 2019. O delineamento adotado foi em blocos casualizados com quatro repetições e seis plantas por parcela. As características estudadas foram avaliadas em cada planta da parcela, sendo 12 quantitativas e 15 qualitativas, totalizando 27 características. Considerando as características quantitativas, foi realizada a seleção das progênies via REML/BLUP. O estudo da divergência genética foi realizado por meio de variáveis canônicas para os dados quantitativos. Para os dados quantitativos, qualitativos, e conjuntos, foram realizados dendrogramas pelo método UPGMA, utilizando-se a distância genética de Mahalanobis. A maior herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foi observada para a altura da planta, seguida da massa média por folha. A produtividade de folhas apresentou ganhos de 11,80, 10,39 e 7,68%, para as intensidades de seleção de 10, 15 e 30% dos melhores indivíduos, respectivamente. As progênies de meios-irmãos P1, P2, P3, P4, P5, P9, P11, P15, P18, P20 e P25 foram as mais divergentes e devem ser priorizadas para compor a população recombinante para o terceiro ciclo de seleção recorrente. As cultivares comerciais foram os genótipos mais divergentes pelas técnicas de multivariadas estudadas e há divergência genética entre os genótipos avaliados em segundo ciclo de seleção recorrente.

Palavras-chave: *Brassica oleracea* var. *acephala*. Parâmetros genéticos. Modelos mistos. Análise multivariada. Diversidade genética.

ABSTRACT

The objective of this work was to estimate genetic parameters, to predict gains with selection of superior individuals and to evaluate genetic divergence between progenies of half-siblings of kale. The work was carried out in two stages, referring to the recombination and obtaining of seeds, and subsequent evaluation of 25 pre-selected half-sibling progenies of the breeding program of the kale of the Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), both carried out in the Vegetable Crops sector, from January 2018 to September 2019. The design adopted was in randomized blocks with four replications and six plants per plot. The characteristics were evaluated in each plant of the plot, being 12 quantitative and 15 qualitative, totaling 27 characteristics. Progenies were selected via REML/BLUP, considering the quantitative characteristics. The study of genetic divergence was performed using canonical variables for quantitative data. For quantitative, qualitative and joint data, dendrograms were performed using the UPGMA method, using the Mahalanobis genetic distance. The highest individual heritability in the narrow sense (h^2_a) was observed for the plant height, followed by the average mass per leaf. Leaf productivity showed gains of 11.80, 10.39 and 7.68%, for selection intensities of 10, 15 and 30% of the best individuals, respectively. The progenies of half-siblings P1, P2, P3, P4, P5, P9, P11, P15, P18, P20 and P25 were the most divergent and should be prioritized to compose recombinant population for the third cycle of recurrent selection. Commercial cultivars were the most divergent genotypes due to multivariate techniques studied and there is genetic divergence between genotypes evaluated in the second cycle of recurrent selection.

Keywords: Multivariate analysis. *Brassica oleracea* var. *acephala*. Genetical diversity. Genetic parameters. Mixed models.

LISTA DE FIGURAS

REFERENCIAL TEÓRICO

-

Figura 1 -	Esquema do método de seleção recorrente no programa de melhoramento de couve-de-folhas	28
------------	--	----

ARTIGO CIENTÍFICO II

Figura 1 -	Escores canônicos padronizados para as três primeiras variáveis canônicas, apresentadas de forma bidimensional para genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020	66
Figura 2 -	Dendrogramas obtidos pelo método UPGMA a partir de matrizes de dissimilaridade baseadas em características quantitativas (A), características qualitativas (B) e análise conjunta (quantitativas + qualitativas) (C), em genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.	67

LISTA DE TABELAS

ARTIGO CIENTÍFICO I

Tabela 1 -	Estimativa dos parâmetros genéticos em progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.....	47
Tabela 2 -	Valor genético, ganho de seleção e tamanho efetivo com a seleção dos melhores indivíduos para produtividade de folhas, número de folhas e número de brotações avaliados em progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.	48
Tabela 3 -	Valor genético, ganho de seleção e tamanho efetivo com a seleção dos melhores indivíduos para altura da planta, diâmetro do caule e comprimento da folha avaliados em progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.	49
Tabela 4 -	Ganhos de seleção diretos (valores em negrito) e indiretos para a seleção de 10 % dos indivíduos avaliados em progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.	50

ARTIGO CIENTÍFICO II

Tabela 1 -	Resumo da análise de variância multivariada para as características quantitativas avaliadas em genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.	65
Tabela 2 -	Correlações entre as três primeiras variáveis canônicas e as características quantitativas avaliadas em genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.....	67
Tabela 3 -	Distâncias entre genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.....	69
Tabela 4 -	Correlação entre as matrizes de dissimilaridade estabelecidos para genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.....	70

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	19
2	REFERENCIAL TEÓRICO	21
2.1	Aspectos gerais de couve-de-folhas e exigências climáticas	21
2.2	Melhoramento genético de couve-de-folhas	23
2.3	Seleção recorrente	25
2.3.1	<i>Seleção recorrente na couve-de-folhas</i>	<i>26</i>
2.3.1.1	<i>Parâmetros genéticos no melhoramento da couve-de-folhas</i>	<i>28</i>
2.4	Modelos mistos: REML/BLUP	30
2.5	Diversidade genética	24
	REFERÊNCIAS	26
	ARTIGO CIENTÍFICO I: ANÁLISES BIOMÉTRICAS DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE COUVE-DE-FOLHAS EM SEGUNDO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE	33
1	INTRODUÇÃO	36
2	MATERIAL E MÉTODOS	37
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
4	CONCLUSÕES.....	43
	REFERÊNCIAS	44
	ARTIGO CIENTÍFICO II: DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE COUVE-DE-FOLHAS AVALIADAS EM SEGUNDO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE.....	51
1	INTRODUÇÃO	54
2	MATERIAL E MÉTODOS	55
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	57
4	CONCLUSÕES.....	61
	REFERÊNCIAS	62
5	CONCLUSÃO GERAL	71

1 INTRODUÇÃO GERAL

O cultivo de hortaliças no Brasil é de grande relevância, destacando-se por proporcionar alto valor agregado por área, garantir alimento para a população, gerar empregos e renda (CARVALHO *et al.*, 2019). Estima-se que a atividade gera cerca de 7 milhões de empregos, envolvendo 3,3 milhões de produtores e movimentando em torno de R\$ 25 bilhões por ano (KIST *et al.*, 2018). De acordo com o mapeamento e qualificação da cadeia produtiva das hortaliças no Brasil, em 2016, as 13 principais hortaliças produziram aproximadamente 16,7 milhões de toneladas em mais de 537 mil hectares (CNA, 2016). Considerando a produção total de hortaliças, que reúne mais de 100 espécies, o volume de produção ficou em torno de 63 milhões de toneladas no ano de 2016, cultivadas em uma área de 837 mil hectares (CARVALHO *et al.*, 2019). Neste contexto, as hortaliças classificadas como folhosas representam aproximadamente 15% do total de hortaliças produzidas no país, destacando-se as culturas da alface, repolho, couve-de-folhas e brócolis (CARVALHO *et al.*, 2019).

Dentre estas folhosas, o consumo da couve-de-folhas (*Brassica oleracea* var. *acephala*) tem crescido significativamente nos últimos anos, decorrente principalmente dos altos conteúdos de compostos benéficos à saúde. Quando comparada às outras hortaliças folhosas ou mesmo brássicas, a cultura destaca-se pelos altos teores de vitaminas, fibras, macro e micronutrientes, carotenoides, antioxidantes e glicosinolatos (BIEGAŃSKA-MARECIK *et al.*, 2017; ŠAMEC *et al.*, 2018).

Esse aumento no consumo implica na necessidade de expansão de seus cultivos de forma a atender a crescente demanda do mercado consumidor, que, conseqüentemente, exige o desenvolvimento de genótipos que apresentem melhor desempenho produtivo e qualidade satisfatória aos consumidores (BRITO, 2018). Apesar de haver diversas cultivares de couve-de-folhas classificadas principalmente quanto a sua cor e textura (TRANI *et al.*, 2015), ainda há poucos estudos voltados ao melhoramento genético da cultura. Os programas de melhoramento genético da couve-de-folhas devem priorizar a seleção de genótipos com características que permitam o cultivo mais adensado, maior rendimento por área, redução de tratamentos culturais e a menor perda de folhas devido ao ataque das principais pragas das brássicas (AZEVEDO *et al.*, 2016).

Além da avaliação do desempenho agrônomo, a avaliação genotípica é importante para o sucesso do programa de melhoramento de qualquer cultura. A avaliação genotípica é realizada por meio da estimativa de parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos. A estimação dos parâmetros genéticos auxilia na definição da estratégia

de melhoramento mais adequada para a cultura e permite realizar inferências sobre a predição de ganhos com a seleção (CRUZ, 2014). Os principais parâmetros genéticos são as variâncias e seus componentes, herdabilidades, acurácia seletiva e coeficientes de variações (VIANA; RESENDE, 2014). As variâncias genóticas e fenóticas apresentam causas ambientais, genéticas e interações entre genéticas e ambientais, enquanto as herdabilidades refletem a proporção da variação fenotípica que é causada pela variação genética para determinada característica (CRUZ *et al.*, 2012).

Os parâmetros genéticos podem ser estimados pela análise de variância (ANOVA) em experimentos balanceados. Entretanto, em experimentos conduzidos em campos é comum a perda de parcelas, o que gera o desbalanceamento (RESENDE, 2007). Nesses casos, é indicado que a avaliação genotípica seja realizada por meio do procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) (RESENDE, 2016).

Por fim, o estudo divergência genética é crucial nos programas de melhoramento por auxiliar na escolha das estratégias que maximizam os ganhos com seleção e no planejamento experimental, principalmente na escolha dos genitores (CRUZ *et al.*, 2012). A diversidade genética poderá ser predita por análise multivariada, entre as quais citam-se os componentes principais (PCA), as variáveis canônicas (VC) e os métodos aglomerativos (CRUZ, 2005).

Diante da carência de trabalhos voltados ao melhoramento genético da couve-de-folhas e da importância da cultura, objetivou-se com este trabalho: a) estimar os parâmetros genéticos e prever os ganhos com a seleção dos indivíduos superiores e; b) avaliar a divergência genética entre progênies e selecionar genótipos para comporem a população recombinante para o terceiro ciclo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos gerais de couve-de-folhas e exigências climáticas

A família Brassicaceae, também conhecida como brássicas ou crucíferas, pertence à ordem Brassicales e apresenta grande diversidade genética, com 341 gêneros e 3977 espécies (FRANZKE *et al.*, 2011), cujo centro de origem ocorre ao longo do noroeste do continente europeu (CHRISTENSEN *et al.*, 2011; IZZAH *et al.* 2013). As brássicas ganhou destaque mundial nas últimas décadas devido o seu consumo associar-se ao menor risco de vários tipos de câncer e outras doenças crônicas (ŠAMEC *et al.*, 2018)

A espécie *Brassica oleracea* (L.) (2n = 18) é a principal representante da família, a qual apresenta importantes variedades botânicas de interesse comercial. Dentre elas destacam-se: *B. oleracea* var. *acephala* (couve-de-folhas), *B. oleracea* var. *capitata* (repolho), *B. oleracea* var. *botrytis* (couve-flor), *B. oleracea* var. *italica* (couve-brócolis), *B. oleracea* var. *gemmifera* (couve-de-bruxelas), *B. oleracea* var. *gongylodes* (couve-rábano), *B. oleracea* var. *alboglabra* (couve-chinesa) (DIEDERICHSEN, 2001). Em meio a estas variedades botânicas, a couve-de-folhas destaca-se pelo conteúdo de compostos benéficos à saúde humana, como vitaminas (A, B1, B2, B6, C e E), fibras, macro e micronutrientes (especialmente, K, Ca, Mg, Fe e Cu), carotenoides, antioxidantes e glicosinolatos (BECERRA-MORENO *et al.*, 2014; BIEGAŃSKA-MARECIK *et al.*, 2017; KANG *et al.*, 2018; PARK *et al.*, 2018).

As variedades da espécie possuem flores hermafroditas (dois sexos na mesma flor), com seis estames (dois curtos e quatro longos) e dois carpelos (DIXON, 2007). A inflorescência é do tipo racemo variando de 1 a 2 metros de comprimentos, com flores amarelas ou brancas, cuja polinização é realizada preferencialmente por abelhas. O fruto é do tipo siliqua, que pode apresentar até 10 cm de comprimento e de 10 a 30 sementes por fruto, cada planta poderá produzir até 30.000 sementes (NICK; BORÉM, 2016).

A cultura apresenta alogamia devido à autoincompatibilidade do tipo esporofítica (WATTS, 1968), o que resulta em grande variabilidade genética e alto grau de heterozigose. Apesar da autoincompatibilidade presente na espécie, pode ocorrer o cruzamento entre indivíduos aparentados e levar depressão por endogamia (THOMPSON; HOWARD, 1958). A endogamia reduz o tamanho e o número de folhas e essas características poderão ser restauradas com a obtenção de híbridos, resultado da heterose para produtividade de folhas (JOHNSTON, 1963).

A cultura é considerada de outono-inverno, sendo adaptada a regiões de frio intenso e resistentes a geadas e a altas temperaturas. A temperatura ótima para o desenvolvimento da hortalixa situa-se entre 16 e 22 °C, com temperaturas mínimas de 5 a 10 °C e temperaturas máximas de 28 °C (FILGUEIRA, 2008). Algumas cultivares de couve-de-folhas, quando cultivadas em temperaturas menores que 22 °C, apresentam folhas com sabor mais adocicado, mais crocante e maior rendimento de biomassa, enquanto temperaturas superiores a 25 °C acarretam em efeitos negativos para a qualidade da hortalixa (PATHIRANA *et al.*, 2017). Temperaturas inferiores a 10 °C favorecem o florescimento da couve-de-folhas, o que é desvantajoso comercialmente, considerando a ocorrência de redução na produtividade e qualidade de folhas comerciais, pois há mudanças na quantidade e no padrão de folhas emitidas (NOVO *et al.*, 2010a). Entretanto, o florescimento é fundamental para o melhoramento da cultura, pois permite cruzamentos entre as progênies superiores e a produção de sementes híbridas para seleção.

A propagação da couve-de-folhas pode ser realizada via sementes e brotações. A propagação por sementes acontece em cultivares de polinização aberta e há muita segregação para a cor, tamanho e formato de folhas, o que não é desejável comercialmente (FILGUEIRA, 2008). As cultivares de polinização aberta são selecionadas para não produzirem brotações para evitar a propagação vegetativa, aumentando assim a dependência da compra de sementes pelos produtores, além da diminuição dos tratos culturais que deverão ser realizados por estes nos cultivos de couve-de-folhas (AZEVEDO *et al.*, 2012). A propagação vegetativa é realizada por meio de estaquia verde e preferida pelos produtores brasileiros pela facilidade, alta porcentagem de sobrevivência e pelo baixo custo (AZEVEDO, 2015).

As colheitas podem ser iniciadas a partir de 4-6 semanas após o transplântio das mudas (ŠAMEC *et al.*, 2018). Na colheita, são retiradas todas as folhas com padrão comercial, que são caracterizadas por apresentarem comprimento igual ou superior a 15 centímetros, sem danos ocasionados pelo ataque de pragas e/ou patógenos e sem sinais de senescência (AZEVEDO *et al.*, 2014). Para a comercialização da couve-de-folhas, são agrupadas de 8 a 10 folhas, com aproximadamente 400 gramas em maços (TRANI *et al.*, 2015) em que o consumidor considera principalmente aspectos relacionados à aparência das folhas, como tamanho, forma, brilho e cor (NOVO *et al.*, 2010b).

2.2 Melhoramento genético de couve-de-folhas

O melhoramento genético de plantas é definido como a arte e ciência que altera a genética das plantas para beneficiar o homem (BERNARDO, 2010). A seleção de plantas com foco no melhoramento genético é um processo contínuo e permite o desenvolvimento de cultivares com características específicas a depender dos objetivos de cada programa. Os principais objetivos visados nos diversos programas de melhoramento de plantas são: o desenvolvimento de cultivares mais produtivos, resistentes ou tolerantes a estresses bióticos e abióticos; qualidades visuais e nutricionais que atendem o mercado consumidor e adaptados às diferentes regiões produtoras (BORÉM *et al.*, 2017).

No Registro Nacional de Cultivares encontram-se 48 cultivares e três linhagens parentais registradas para couve-de-folhas (BRASIL, 2020). Porém, o uso de cultivares couve-de-folhas não é a estratégia mais utilizada entre os produtores brasileiros, devido à facilidade de propagação dos genótipos locais e essas cultivares apresentarem características morfológicas não desejáveis pelo consumidor, como folhas mais escura, nervuras proeminentes e de cor clara, que o consumidor associa ao maior tempo de cocção (NOVO *et al.*, 2010a; AZEVEDO, 2015).

No estado de São Paulo, cultivares do grupo ‘Manteiga’ apresentam maior aceitação comercial por possuírem folhas com limbos verde-claros, tenras, lisas ou pouco onduladas, com pecíolos e nervuras verdes bem claras e de rápida cocção, porém essas características morfológicas podem variar de região para região (NOVO *et al.*, 2011). De maneira geral, as cultivares mais comercializadas no Brasil são classificadas de médio a grande porte, que apresentam plantas de 40 a 90 cm de altura, fato que aumenta os tratos culturais, pois na fase de colheita faz-se necessário estaqueá-las (NOVO *et al.*, 2010a).

Apesar de poucos estudos serem dedicados ao melhoramento genético da couve-de-folhas, os principais objetivos dos programas existentes priorizam a seleção de genótipos com menor altura, menor número de brotações, que apresentem maior número de folhas por planta e a seleção de genótipos resistentes às principais pragas das brássicas, como *Brevicoryne brassicae* (pulgão-da-couve) e *Plutella xylostella* (traça-das-crucíferas) (AZEVEDO *et al.*, 2016). O desenvolvimento de cultivares com essas características permitirá o cultivo mais adensado, maior rendimento por área, redução de tratos culturais, como desbrota, tutoramento, controle de pragas e menor perda de folhas devido ao ataque de pragas (AZEVEDO *et al.*, 2017; BRITO *et al.*, 2019).

Em estudo realizado por Azevedo *et al.* (2012), no município de Diamantina – MG, os autores verificaram que cultivares comerciais apresentaram desempenho agrônomo inferior ao de acessos do banco de germoplasma da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), coletados em propriedades rurais localizadas na região de Diamantina. Isso indica a importância de novas pesquisas voltadas ao melhoramento da cultura, visto que genótipos locais podem apresentar produtividades superiores e características morfológicas mais atraentes para os consumidores do que as cultivares disponíveis no mercado.

Em trabalho subsequente, realizado em Viçosa – MG, em avaliação de progênies de meios-irmãos oriundas da recombinação de genótipos pertencentes ao banco de germoplasma da UFVJM, a produtividade média de folhas entre as progênies avaliadas foi de 100 t ha⁻¹ (AZEVEDO, 2015). Em outro estudo, também com progênies de meios-irmãos no município Diamantina – MG, Brito (2018) obteve produtividade média de 44,60 t ha⁻¹. As produtividades obtidas por esses autores são superiores à média nacional observada no ano de 2016, que foi de 11,28 t ha⁻¹ (KIST *et al.*, 2018)

Estudos desenvolvidos com a cultura da couve-de-folhas no município de Diamantina têm mostrado que a região possui condições favoráveis ao desenvolvimento de todas as fases fenológicas da cultura, sobretudo a fase de florescimento, primordial para a consolidação do programa melhoramento da cultura. A possibilidade de florescimento permitirá a obtenção de progênies a partir de cruzamentos entre os genótipos superiores na população de melhoramento. Assim, torna-se possível a adoção de outras estratégias e métodos, como a avaliação de progênies de meios-irmãos em ciclos de seleção que poderão oferecer resultados promissores ao programa de melhoramento da couve-de-folhas.

Diante desses resultados percebe-se a necessidade da continuação dos estudos relacionados ao melhoramento genético de couve-de-folhas. Esses estudos devem focar principalmente na seleção de genótipos mais produtivos, que apresentam características morfológicas aceitáveis pelos consumidores. Com o avanço dos estudos será possível a recomendação de cultivares mais adaptadas para a região de Diamantina para aumentar a segurança alimentar e a rentabilidade dos pequenos produtores locais.

2.3 Seleção recorrente

Entre os métodos de melhoramento, a seleção recorrente (SR) pode consistir em uma boa estratégia em programas de melhoramento genético de couve-de-folhas pela facilidade de manejo e avaliação (AZEVEDO, 2015; BRITO, 2018). Este método é baseado na seleção, recombinação e avaliação de progênies de meios-irmãos, que são indivíduos oriundos de recombinação aleatória, em que a planta-mãe é conhecida, mas o pólen pode vir de qualquer indivíduo da população (BRITO, 2018). No caso da couve-de-folhas a autoincompatibilidade presente na espécie facilita o processo de obtenção das progênies de meios-irmãos na espécie.

A SR tem como objetivo aumentar a frequência de alelos desejáveis para características quantitativas por meio de repetidos ciclos de seleção, sem reduzir a variabilidade genética da população (HULL, 1945). Esse é um método cíclico que envolve três etapas: 1) obtenção de progênies; 2) avaliação e seleção das progênies superiores e; 3) recombinação das progênies superiores para formar a geração seguinte (BORÉM *et al.*, 2017). As três etapas são conduzidas repetidamente até que a frequência de alelos favoráveis na população atinja níveis satisfatórios (HALLAUER *et al.*, 2010). O melhoramento genético por meio da SR geralmente é mais adequado para objetivos a longo e médio prazo e para características quantitativas (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017a). A SR é iniciada com população-base que pode ser constituída de cultivares de polinização aberta, cultivares abertas sintéticas ou gerações avançadas de híbridos, na qual deverá apresentar alto comportamento médio e variabilidade genética para garantir os ganhos nos ciclos de seleção subsequentes (BORÉM *et al.*, 2017).

Inicialmente a SR foi proposta por Hull (1945) em culturas alógamas devido a maior facilidade na realização dos cruzamentos. Posteriormente, Khadr e Frey (1965) propuseram o método para espécies autógamas a partir do emprego da técnica de macho-esterilidade ou de outros sistemas que facilitam obtenção dos cruzamentos. Desde então, a SR tem sido aplicada em culturas alógamas e autógamas visando diferentes objetivos, como o aumento da produtividade em milho (SAJJAD *et al.*, 2020), produtividade e capacidade de expansão em milho-pipoca (GUIMARÃES *et al.*, 2019), acréscimo no conteúdo de óleo em mamona (CHEN *et al.*, 2018), qualidade de frutos em mamão (CAVALCANTE *et al.*, 2018), produção de frutos em maracujá (SILVA *et al.*, 2017), incremento na produção de açúcar em sorgo-doce (LEITE *et al.*, 2020), resistência ao estresse hídrico (PANG *et al.*, 2017) e aumento da produtividade em arroz (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017b), resistência à pinta-

preta em híbridos de batata (HAYNES; QU, 2019) e a mofo-branco no feijão (LEITE *et al.*, 2017).

As estratégias de SR podem ser classificadas de duas formas, seleção recorrente fenotípica ou genotípica (FEHR, 1991). A SR fenotípica ou massal é realizada a partir do fenótipo das plantas da população e deve ser preferida para características que apresentem alta herdabilidade, herança menos complexas e não é eficiente para características de natureza quantitativa (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017a). No entanto, a SR genotípica é fundamentada em teste de progênies, permite a avaliação de características com maior grau de complexidade e é eficiente para qualquer tipo de caráter, seja de natureza qualitativa ou quantitativa, sendo o principal motivo pelo qual é mais empregada em programas de melhoramento genético populacional (RAMALHO *et al.*, 2012).

A SR pode ser conduzida para a melhoria de uma ou duas populações, conhecidas como intra ou interpopulacional, respectivamente. Para a escolha do método deve-se considerar a característica avaliada, a ação gênica e a finalidade das progênies selecionadas (BORÉM *et al.*, 2017). O método intrapopulacional é mais fácil de execução, aplicável à maioria das características de interesse agrônomo, recomendado para a adaptação de germoplasma exótico, melhoria de cultivares e para a ação gênica aditiva (PEREIRA *et al.*, 2001). No caso do método interpopulacional, objetiva-se o desenvolvimento de linhagens com alta capacidade de recombinação para a produção de híbridos, porém é mais complexo e demanda mais mão de obra durante a execução (HALLAUER *et al.*, 2010).

2.3.1 Seleção recorrente na couve-de-folhas

A seleção recorrente na couve-de-folhas teve início na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) com a formação do banco de germoplasma da universidade e avaliação dos genótipos nos anos de 2011 e 2012 (AZEVEDO, 2012). Esse estudo constatou o potencial para o melhoramento da cultura, visto que os genótipos comerciais apresentaram desempenho inferior quando comparados aos acessos pertencentes ao banco de germoplasma para as principais características de melhoramento da cultura, como: número de folhas comerciais e características relacionadas à dimensão das folhas.

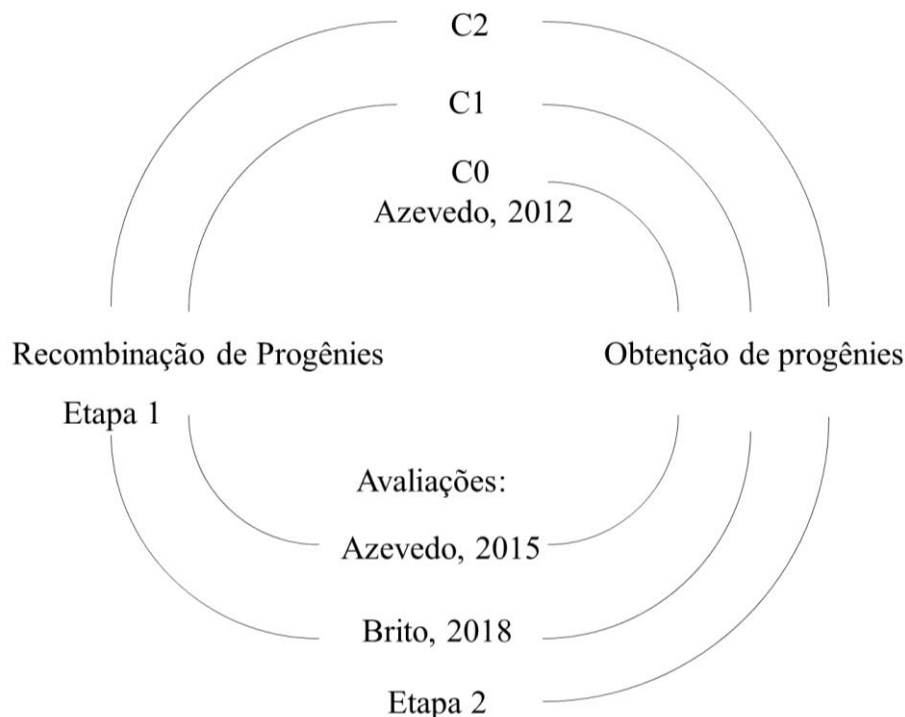
A etapa seguinte do programa foi desenvolvida em parceria com a Universidade Federal de Viçosa (UFV) em trabalho realizado no ano de 2013 e consistiu na avaliação de 24 progênies de meios-irmãos oriundas da recombinação de genótipos pertencentes ao banco de germoplasma da UFVJM (AZEVEDO, 2015). Nesse estudo, os maiores ganhos

estimados foram obtidos para o número de brotações -41,72 % e para o aumento no número 17,59% ambas as características considerando a seleção de 30% dos indivíduos superiores (AZEVEDO, 2015).

Em seguida, iniciou-se o primeiro ciclo (C1) da seleção recorrente com a obtenção de 33 progênies de meios-irmãos apartir da recombinação dos indivíduos superiores do C0. A etapa de avaliação foi realizada no município Diamantina – MG entre os anos de 2015 e 2016 (BRITO, 2018). Nesse ciclo os maiores ganhos foram obtidos para o número de folhas comerciais com valores de 46,63, 40,52 e 28,39% para a seleção de 10, 15 e 30%, respectivamente dos indivíduos superiores.

Atualmente, o método de seleção recorrente na cultura encontra-se no segundo ciclo (C2). No entanto, a viabilidade do método de seleção recorrente deve ser verificada por meio de estudos importantes em cada ciclo de seleção (HALLAUER et al., 2010; RAMALHO et al., 2012). Entre esses estudos importantes pode-se citar: a estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos e a magnitude da diversidade genética, dos genótipos selecionados (BERNARDO, 2010).

Figura 1 - Esquema do método de seleção recorrente no programa de melhoramento de couve-de-folhas.



2.3.1.1 Parâmetros genéticos no melhoramento da couve-de-folhas

O estudo dos parâmetros genéticos é importante para o sucesso dos programas de melhoramento genético de qualquer cultura. Essa estimativa permite o conhecimento da estrutura genética da população para fins de seleção e da sua variância genotípica (RAMALHO *et al.*, 2012). Além disso, permite ainda prever os valores genéticos, o que auxiliará os melhoristas nas tomadas de decisões (CRUZ *et al.*, 2012). Dentre os principais parâmetros genéticos, podem-se citar as variâncias e seus componentes, as herdabilidades, acurácia seletiva e os coeficientes de variações (VIANA; RESENDE, 2014).

A variância fenotípica (σ^2_f) consiste nos valores observados nos indivíduos, sendo constituída pela soma dos valores da variância genotípica (σ^2_g), da variância ambiental (σ^2_e) e da variância da interação entre o genótipo e o meio (σ^2_{ge}) (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A σ^2_g refere-se ao resultado da ação dos genes, é composta pela variância genética aditiva (σ^2_a), pela variância atribuída aos desvios da dominância entre alelos (σ^2_d) e pela variância atribuída aos efeitos epistáticos, que é a associação das interações entre não-alelos (σ^2_i) (ALLARD, 1971). A variância genética aditiva (σ^2_a) consiste no principal parâmetro genético, por ser o componente mais importante da variação genotípica e representa a parte herdável

para a geração futura (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Dessa forma, a σ_a^2 é a principal causa de semelhança entre indivíduos aparentados (RODRIGUES *et al.*, 2017). Portanto, a predominância da σ_d^2 é desejável em programas de melhoramento genético que objetivam a exploração do vigor apresentado em combinações híbridas, pois nesse caso ocorre a manifestação da heterose (CRUZ *et al.*, 2012).

Outro parâmetro importante no melhoramento é a herdabilidade (h^2), que consiste na razão entre a variância genética e a variância fenotípica total. Alta magnitude da h^2 é desejada em programas de melhoramento, pois possibilita maiores ganhos esperados com a seleção (BORÉM *et al.*, 2017). A herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) é a relação entre a variância genética aditiva (σ_a^2) e variância fenotípica (σ_f^2) e auxilia nos programas de melhoramento genético por quantificar a contribuição de genes aditivos na expressão de características e a variância genética que será transmitida à próxima geração (OLIVEIRA *et al.*, 2018). Os valores de h^2 podem assumir valores de 0 a 1, em que valores menores que 0,15 são classificados de baixa magnitude, valores entre 0,15 a 0,50 média e alta magnitude para valores superiores a 0,50 (RESENDE, 2002).

Em trabalho realizado por Azevedo *et al.* (2012) com acessos de couve-de-folhas pertencentes ao banco de germoplasma da UFVJM, em Diamantina-MG, a h_a^2 para uma característica importante que é o número total de folhas, foi de 0,48. Já Brito (2018) também ao avaliar progênies de meios-irmãos, verificou h_a^2 de 0,88 para a mesma característica. Essas variações nos valores dos parâmetros genéticos são comuns em comparações de diferentes experimentos para a mesma cultura, visto que esses parâmetros são dependentes da população avaliada e das condições experimentais submetidas (AZEVEDO, 2015).

Os coeficientes de determinação dos efeitos das parcelas (C_{par}^2) e a acurácia seletiva (AC_{prog}) indicam precisão experimental. O C_{par}^2 é calculado pela razão da variação entre as parcelas e variância fenotípica (σ_f^2), sendo que os valores inferiores a 0,10 indicam que pequena variação fenotípica é causada pela variação entre parcelas, que é procurado em programas de melhoramento (RESENDE, 2002). Já a AC_{prog} é a correlação entre os valores genéticos previstos e os verdadeiros dos indivíduos e está ligada a herdabilidade da característica, valores superiores a 0,70 são desejados em programas de melhoramento de plantas (RESENDE; DUARTE, 2007).

O coeficiente de variação genética (CV_g) expressa a variação genética existente na população de estudo e permite que os melhoristas tenham ideia da magnitude relativa das mudanças que podem resultar da seleção, quanto maior a variância genética, maior o potencial de obtenção de ganhos genéticos (OLIVEIRA *et al.*, 2018). Por outro lado, o coeficiente

ambiental (CV_e) evidencia a precisão experimental nas avaliações realizadas e pode ser classificado em baixo ($CV_e < 10\%$) e médio ($CV_e < 20\%$), no entanto, esses valores deverão ser analisados em conjunto com a acurácia seletiva (CRUZ *et al.*, 2012).

2.4 Modelos mistos: REML/BLUP

Os modelos matemáticos têm como objetivo explicar as observações de uma variável dependente por meio de efeitos atribuídos a variáveis independentes. Esses efeitos podem ser de natureza fixa ou aleatória, a depender do objetivo do estudo e da natureza amostral dos genótipos (EISENHART, 1947). Os efeitos são considerados de natureza fixa quando as conclusões a seu respeito forem válidas somente a ele próprio e o tratamento não é uma amostra da população (CRUZ *et al.*, 2012). No entanto, os efeitos aleatórios consistem em um número infinito de níveis de onde se retira uma amostra, permitindo conclusões mais amplas sobre a população de referência (FRITSCHÉ-NETO *et al.*, 2010).

Da mesma forma, os modelos estatísticos são considerados aleatórios quando todos os seus efeitos forem de natureza aleatória, com exceção da média que é sempre fixa e fixos quando todos os efeitos são de natureza fixa, excetuando-se o erro que sempre será de natureza aleatória. Além disso, os modelos mistos apresentam efeitos fixos e aleatórios, desconsiderando a média e o erro modelo (FRITSCHÉ-NETO *et al.*, 2010). O uso dos modelos mistos no melhoramento genético é importante para estimar os componentes de variância para o cálculo dos parâmetros genéticos e para prever os valores genéticos. O conhecimento dos parâmetros genéticos auxilia os melhoristas na tomada de decisão em relação às estratégias de melhoramento empregadas e a predição de valores genéticos e possibilita a seleção acurada de indivíduos superiores (CRUZ *et al.*, 2012).

Em programas de melhoramento genético são comuns a ocorrência de experimentos desbalanceados, nos quais a avaliação das estimativas de componentes de variância por meio de análises tradicionais, como a análise de variância (ANOVA), podem ser imprecisas e gerar falsas predições de valores genéticos (VIANA; RESENDE, 2014). Nesses casos, a adoção dos modelos mistos consistirá em uma estratégia útil, como a metodologia de REML/BLUP (RESENDE, 2016).

O procedimento REML (*Restricted Maximum Likelihood*), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas. Esse método permite desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente, elimina o vício devido a mudanças nas frequências alélicas pela seleção a partir do uso da matriz de parentesco, o que permite a estimação dos componentes de variância para uma população base não selecionada (RESENDE, 2016). Já o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) foi proposto por Henderson (1975) é um procedimento mais indicado de seleção para efeitos genéticos aditivos, de dominância e genotípicos. O BLUP maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outra estratégia de seleção, considerando dados desbalanceados, permitindo o uso simultâneo de várias fontes de informações, por exemplo, vários locais e várias colheitas (VIANA; RESENDE, 2014).

As principais vantagens do método REML/BLUP são: pode ser aplicado em dados desbalanceados; corrige os dados para os efeitos ambientais; estima os parâmetros genéticos e prediz os valores genéticos; permite comparar indivíduos através do tempo (gerações e anos) e espaço (locais e blocos); produz resultados não viciados; maximiza a acurácia seletiva; maximiza o ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento; permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, gerando estimativas mais precisas; permite lidar com estruturas complexas (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos) e heterogeneidade de variâncias (VIANA; RESENDE, 2014). Os procedimentos REML/BLUP podem ser empregados em diferentes delineamentos experimentais como, blocos ao acaso, látice, linha e coluna e blocos aumentados em diferentes delineamentos de cruzamentos, tais como, progênies de polinização aberta, dialélicos, fatoriais, hierárquicos e testes clonais, ou ainda, na predição de híbridos (RESENDE, 2004).

As informações obtidas pelo método REML/BLUP permitem direcionar as estratégias de seleção em que é possível proceder a seleção em nível de famílias e indivíduo. A seleção em nível de família identifica as famílias superiores, isto é, aquelas que apresentam os maiores valores genotípicos e com isso aumenta a probabilidade de identificar indivíduos superiores dentro das famílias (CRUZ *et al.*, 2012; RODRIGUES *et al.*, 2017). A seleção individual pode proporcionar maiores ganhos quando comparadas à seleção em nível de famílias (QUINTAL *et al.*, 2017). Isso poderá consistir em uma estratégia importante nos programas de melhoramentos de espécies que podem ser propagadas vegetativamente, como é

o caso da couve-de-folhas, pois isso permitirá que genótipos sejam fixados ou usados na recombinação.

O método REML/BLUP tem sido empregado com sucesso no melhoramento de várias culturas, incluindo culturas perenes e anuais. Dentre essas culturas pode-se citar: pinhão-manso (SPINELLI *et al.*, 2015), capim-elefante (RODRIGUES *et al.*, 2017), mamão-papaia (MOREIRA *et al.*, 2019), milho-de-pipoca (EMATNÉ *et al.*, 2018), feijão-comum (DE PAULA *et al.*, 2019), feijão-vagem (GOMES *et al.*, 2018), cenoura (CARVALHO *et al.*, 2017), batata (SILVA *et al.*, 2018). Em couve-de-folhas também já são encontrados na literatura trabalhos que evidenciam a aplicabilidade do método REML/BLUP no melhoramento da cultura em casos de experimentos desbalanceados pela perda de parcelas (AZEVEDO, 2015; BRITO, 2018).

2.5 Diversidade genética

O estudo da variabilidade genética é essencial nos programas de melhoramento genético de plantas. Esse estudo auxilia na escolha das estratégias que maximiza os ganhos com seleção, na organização do germoplasma disponível, na expansão da base genética, além de reduzir número de genótipos pela identificação de duplicadas e identificar as combinações de genótipos com maior efeito heterótico (CRUZ, 2005; LI *et al.*, 2019). Essa variabilidade é avaliada com estudos de diversidade genética, a partir da análise de características fenotípicas ou análises moleculares (SILVA *et al.*, 2014), sendo as análises moleculares mais eficientes (PALUMBO *et al.*, 2007).

A avaliação da diversidade genética pode ser realizada por meio da análise de componentes principais (PC), variáveis canônicas (VC) e métodos aglomerativos. Os estudos sobre PC e VC requerem conhecimento aprimorado sobre estatística multivariada, todavia é de simples interpretação e baseia-se na criação de novas variáveis, no qual representa as variáveis originais mensuradas (CRUZ, 2005). A escolha do método a ser utilizado fica a critério do melhorista e será realizada em função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma de obtenção dos dados (CRUZ *et al.*, 2012).

As distâncias, euclidianas e de Mahalanobis, estão entre as medidas mais usuais de divergência genética. Essas medidas são responsáveis por mostrar o quão distante os indivíduos ou as populações estão, de modo que quanto menor os valores dessas medidas, mais próximos estão os pares de indivíduos avaliados (CRUZ, 2005). A distância euclidiana pode ser utilizada em experimentos sem repetições, sem exigir a avaliação em delineamentos

experimentais (CRUZ *et al.*, 2012). Portanto, tem como desvantagem, sofrer alterações com mudanças na escala de medições, com o número de características avaliadas e não levar em consideração a correlação entre essas características, exigindo assim a padronização dos dados. Em contrapartida, a distância de Mahalanobis só pode ser calculada em experimentos com repetição, por utilizar a matriz de covariância residual e considera a correlação entre as características avaliadas (CRUZ *et al.*, 2012).

A partir dessas medidas é gerada uma matriz de distâncias e é possível agrupar os genótipos mais semelhantes no qual os métodos de agrupamento (*clusters*) mais utilizados são o método de otimização (método de Tocher) e os aglomerativos. O método de Tocher utiliza o critério que as distâncias obtidas dentro dos grupos sejam menores que entre os grupos. O principal método aglomerativo é o de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) (CRUZ *et al.*, 2012). No UPGMA os indivíduos são agrupados em um processo que se repete várias vezes até que grupos sejam formados e forme também o dendrograma (conhecido também como diagrama de árvore). O dendrograma é uma representação simplificada para análise visual da matriz de dissimilaridade, em que se avaliam os pontos de alta mudança dos níveis para a formação dos grupos (CRUZ, 2005). O estabelecimento dos grupos formados pode ser realizado visualmente (CRUZ, 2012) ou pelo ponto de corte nos segundo Mojena (1977).

Em couve-de-folhas já estão disponíveis alguns trabalhos que estudam a diversidade genética em bancos de germoplasma por meio de marcadores moleculares (EL-ESAWI, 2016), marcadores moleculares e bioquímicos (TORTOSA *et al.*, 2017) e características morfológicas, de natureza quantitativa e qualitativa (AZEVEDO *et al.*, 2014; BRITO, 2018). Portanto, em programas de melhoramento de qualquer cultura é essencial que avalie a divergência genética da população no decorrer de ciclos de seleção (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017b).

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. Rio de Janeiro: USAID, 1971. 381 p.
- AZEVEDO, A. M. **Divergência, variabilidade genética e desempenho agrônomo em genótipos de couve**. 2012. 52 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM, 2012.
- AZEVEDO, A. M. **Biometria aplicada ao melhoramento genético da couve de folhas**. 2015. 98 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa – UFV, 2015.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; FERNANDES, J. S. C.; VALADARES, N. R.; FERREIRA, M. R. A.; MARTINS, R. A. V. Desempenho agrônomo e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 12, p. 1751-1758, 2012.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; FERNANDES, J. S. C.; FERREIRA, M. R. A.; MARTINS, R. A. V. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 32, n. 3, p. 51-57, 2014.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; ANDRADE, R. F.; SOUZA, J. R. S. Estudo da repetibilidade genética em clones de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 1, p. 54-58, 2016.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C. D.; SANTOS, A. A. D.; SOUSA JÚNIOR, A. S. D.; OLIVEIRA, A. J. M.; FERREIRA, M. A. M. Population parameters and selection of kale genotypes using Bayesian inference in a multi-trait linear model. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 1, p. 25-31, 2017.
- BECERRA-MORENO, A.; ALANÍS-GARZA, P. A.; MORA-NIEVES, J. L.; MORA-MORA, J. P.; JACOBO-VELÁZQUEZ, D. A. Kale: An excellent source of vitamin C, pro-vitamin A, lutein and glucosinolates. **CyTA-Journal of Food**, v. 12, n. 3, p. 298-303, 2014.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 300 p.
- BIEGAŃSKA-MARECIK, R.; RADZIEJEWSKA-KUBZDELA, E.; MARECIK, R. Characterization of phenolics, glucosinolates and antioxidant activity of beverages based on apple juice with addition of frozen and freeze-dried curly kale leaves (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* L.). **Food chemistry**, v. 230, p. 271-280, 2017.
- BORÉM, A; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: UFV, 2017.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares RNC**. Disponível em: http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. Acesso em 25 maio 2020.

BRITO, O. G. **Estudo genético e seleção de progênes de meios-irmãos de couve de folhas**. 2018. 79 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM, 2018.

BRITO, O. G.; ANDRADE JÚNIOR, V. C. D.; AZEVEDO, A. M. D.; DONATO, L. M. S.; SILVA, L. R.; FERREIRA, M. A. M. Study of repeatability and phenotypical stabilization in kale using frequentist, Bayesian and bootstrap resampling approaches. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 41, 2019.

BRITO, M. V. D.; SILVA, V. B. D.; MATOS FILHO, C. H. A.; FERREIRA-GOMES, R. L.; LOPES, Â. C. D. A. Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga**, v. 33, n. 2, p. 571-578, 2020.

CARVALHO, A. D.; SILVA, G. O.; RESENDE, F. V. Adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelo método REML/BLUP. **Horticultura Brasileira**, p. 35, n. 1, p. 69-74, 2017.

CARVALHO, C.; KIST, B. B.; BELING, R. R. **Anuário brasileiro de horti&fruti 2020**. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz, 2019. 96 p.

CAVALCANTE, N. R.; VIANA, A. P.; SANTOS, P. R. D.; PREISIGKE, S. D. C.; RIBEIRO, R. M.; TOFANELLI, E. J. Associations among production and physicochemical quality fruit traits in Passion fruit populations subjected to three cycles of intrapopulation recurrent selection. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 40, n. 5, 2018.

CHEN, G. Q.; JOHNSON, K.; MORALES, E.; IBÁÑEZ, A. M.; LIN, J. T. A high-oil castor cultivar developed through recurrent selection. **Industrial crops and products**, v. 111, p. 8-10, 2018.

CHRISTENSEN, S.; VON BOTHMER, R.; POULSEN, G.; MAGGIONI, L.; PHILLIP, M.; ANDERSEN, B. A.; JØRGENSEN, R. B. AFLP analysis of genetic diversity in leafy kale (*Brassica oleracea* L. convar. *acephala* (DC.) Alef.) landraces, cultivars and wild populations in Europe. **Genetic resources and crop evolution**, v. 58, n. 5, p. 657-666, 2011.

CONFEDERAÇÃO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA DO BRASIL - CNA. **Balanço 2016 Perspectivas 2017**. Brasília: CNA, 2016. p. 101-103, Disponível em: <https://data.gessulli.com.br/file/2016/12/08/H104033-F00000-M637.pdf>. Acesso em: 22 jul. 2020.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 5. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

DE PAULA, R. G.; DE PAULA, I. G.; CARNEIRO, A. L. N.; SALVADOR, F. V.; DE SOUZA CARNEIRO, J. E.; CAREIRO, P. C. S. Selecting common bean breeding populations via mixed models. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 2, p. 409-418, 2019.

DIEDERICHSEN, A. Cruciferae: Brassica. In: Hanelt P, Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (eds) Mansfeld's encyclopedia of agricultural and horticultural crops. **Springer**, p. 1435–1446, 2001.

DIXON, G. R. **Vegetable brassicas and related crucifers**. Wallingford: CABI, 2007. 372 p.

EISENHART, C. The assumptions underlying the analysis of variance. **Biometrics**, v. 3, n. 1, p. 1-21, 1947.

EL-ESAWI, M. A.; GERMAINE, K.; BOURKE, P.; MALONE, R. Genetic diversity and population structure of *Brassica oleracea* germplasm in Ireland using SSR markers. **Comptes rendus biologies**, v. 339, n. 3-4, p. 133-140, 2016.

EMATNÉ, H. J.; NUNES, J. A. R.; SOUZA, J. C. D.; MUÑOZ, P. R. Genetic progress in popcorn recurrent selection by a multivariate mixed-model approach. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 42, n. 2, p. 159-167, 2018.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development: Theory and technique**. Iowa State University, Ames, 1991. 536 p.

FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: UFV, 2008, 402 p.

FRANZKE, A.; LYSACK, M. A.; AL-SHEHBAZ, I. A.; KOCH, M. A.; MUMMENHOFF, K. Cabbage Family affairs: the evolutionary history of Brassicaceae. **Trends in plant Science**, v. 16, n. 2, p. 108-116, 2011.

FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M. C.; VENCOVSKY, R.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, n. 1, p. 32-39, 2010.

GOMES, A.; OLIVEIRA, T. R.; CRUZ, D. P.; GRAVINA, G. A.; DAHER, R. F.; ARAÚJO, L. C.; ARAÚJO, K. C. Genetic gain via REML/BLUP and selection indices in snap bean. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 2, p. 195-198, 2018.

GUIMARÃES, A. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PENA, G. F.; ALMEIDA FILHO, J. E. D.; PEREIRA, M. G.; SANTOS, P. H. A. D. Genetic gains in the popcorn population uenf-14: developing the ninth generation of intrapopulation recurrent selection. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 3, p. 625-633, 2019.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**, New York: Springer, 2010. 663 p.

HAYNES, K. G.; QU, X. Three cycles of recurrent maternal half-sib selection continue to reduce foliar late blight in a diploid hybrid *Solanum phureja*-*S. stenotomum* population. **American Journal of Potato Research**, v. 96, n. 1, p. 1-5, 2019.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, [S.l.], v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

HULL, F. H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 37, p. 134-145, 1945.

IZZAH, N. K.; LEE, J.; PERUMAL, S.; PARK, J. Y.; AHN, K.; FU, D.; KIM, G. B.; NAM, Y.-W.; YANG, T. J. Microsatellite-based analysis of genetic diversity in 91 commercial *Brassica oleracea* L. cultivars belonging to six varietal groups. **Genetic resources and crop evolution**, v. 60, n. 7, p. 1967-1986, 2013.

JOHNSTON, T. D. Inbreeding and hybrid production in marrow-stem kale (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* D.C.). The effects of inbreeding and the performance of F1 hybrids. **Euphytica**, v. 12, p.198-204, 1963.

KANG, U.; RYU, S. M.; LEE, D.; SEO, E. K. Chemical constituents of the leaves of *Brassica oleracea* var. *acephala*. **Chemistry of Natural Compounds**, v. 54, n. 5, p.1 023-1026, 2018.

KHADR, F. H.; FREY, K. J. Effectiveness of recurrent selection in oat breeding (*Avena sativa* L.). **Crop Science**, v. 5, n. 4, p. 349-354, 1965.

KIST, B. B.; SANTOS, C. E.; CARVALHO, C.; BELING, R. R. **Anuário brasileiro de Horti&Fruti**. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz, 2018. 96 p.

LEITE, M. E.; DE FIGUEIREDO, I. C. R.; DIAS, J. A.; ALVES, F. C.; DOS SANTOS, J. B. Reaction of common bean lines derived from recurrent selection for white mold resistance and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotirum* isolates. **Bioscience Journal**, v. 33, n. 5, p. 1177-1187, 2017.

LEITE, P. S. S.; BOTELHO, T. T.; RIBEIRO, P. C. O.; SCHAFFERT, R. E.; PARRELLA, R. A. C.; NUNES, J. A. R. Intrapopulation recurrent selection in sweet sorghum for improving sugar yield. **Industrial Crops and Products**, v. 143, p. 111910, 2020.

LI, Z.; MEI, Y.; LIU, Y.; FANG, Z.; YANG, L.; ZHUANG, M.; ZHANG, Y.; LV, H. The evolution of genetic diversity of broccoli cultivars in China since 1980. **Scientia Horticulturae**, v. 250, p. 69-80, 2019.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MORAIS JÚNIOR, O. P.; BRESEGHELLO, F.; DUARTE, J. B.; MORAIS, O. P.; RANGEL, P. H.; COELHO, A. S. Effectiveness of recurrent selection in irrigated rice breeding. **Crop Science**, v. 57, n. 6, p. 3043-3058, 2017a.

MORAIS JÚNIOR, O. P. D.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P. D.; COLOMBARI FILHO, J. M. Genetic variability during four cycles of recurrent selection in rice. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 11, p. 1033-1041, 2017b.

MOREIRA, S. O.; KUHLCAMP, K. T.; BARROS, F. L. D. S.; ZUCOLOTO, M.; GODINHO, T. D. O. Selection index based on phenotypic and genotypic values predicted by REML/BLUP in papaya. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 41, n. 1, 2019.

NICK, C.; BOREM, A. **Melhoramento de hortaliças**. Viçosa: UFV, 2016. 464 p.

NOVO, M. D. C. D. S.; PRELA-PANTANO, A.; TRANI, P. E.; BLAT, S. F. Desenvolvimento e produção de genótipos de couve manteiga. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 3, p. 321-325, 2010a.

NOVO, M. C. S. S.; PRELA-PANTANO, A.; DEUBER, R.; TORRES, R.; TRANI, P.; BRON, I. **Morfologia de folhas de couve do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo**. Campinas: IAC, 2010b. 27 p.

NOVO, M. C. S.; PRELA-PANTANO, A.; DEUBER, R.; TORRES, R. B.; TRANI, P. E.; BRON, I. U. Caracterização morfológica e da coloração de folhas de couve do banco de germoplasma do Instituto Agrônomo de Campinas. 2011. Disponível em: http://www.infobibos.com/Artigos/2011_1/couve/index.htm. Acesso em: 24 jul. 2020.

OLIVEIRA, J. A. A.; BRUCKNER, C. H.; SILVA, D. F. P. D.; SANTOS, C. E. M. D.; PENSO, G. A.; AQUINO, C. F. Estimation of genetic parameters and selection for rooting capacity in peach. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 320-324, 2018.

PALUMBO, R.; HONG, W. F.; WANG, G. L.; HU, J. G.; CRAIG, R.; LOCKE, J.; KRAUSE, C.; TAY, D. Target region amplification polymorphism (TRAP) as a tool for detecting genetic variation in the genus *Pelargonium*. **Hortscience**, v. 42, p. 1118–1123, 2007.

PANG, Y.; CHEN, K.; WANG, X.; XU, J.; ALI, J.; LI, Z. Recurrent selection breeding by dominant male sterility for multiple abiotic stresses tolerant rice cultivars. **Euphytica**, v. 213, n. 12, p. 268, 2017.

PARK, Y. J.; LEE, H. M.; SHIN, M.; ARASU, M. V.; CHUNG, D. Y.; AL-DHABI, N. A.; KIM, S. J. Effect of different proportion of sulphur treatments on the contents of glucosinolate in kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) commonly consumed in Republic of Korea. **Saudi journal of biological sciences**, v. 25, n. 2, p. 349-353, 2018.

PATHIRANA, I.; THAVARAJAH, P.; SIVA, N.; WICKRAMASINGHE, A. N. K.; SMITH, P.; THAVARAJAH, D. Moisture deficit effects on kale (*Brassica oleracea* L. var. *acephala*) biomass, mineral, and low molecular weight carbohydrate concentrations. **Scientia Horticulturae**, v. 226, p. 216-222, 2017.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, [S.l.], v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 3-10, 2001.

QUINTAL, S. S. R.; VIANA, A. P.; CAMPOS, B.; VIVAS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 39, n. 2, 2017.

RAMALHO, M.; SANTOS, J. D.; PINTO, C.; SOUZA, E. D.; GONÇALVES, F.; SOUZA, J. D. **Genética na agropecuária: genética quantitativa**. 5. ed. Lavras: UFLA, 2012. 565 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa: Suprema, 2015. 463 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SILVA, P. R. A. D.; CARMO, M. G. F. D.; ABBOD, A. C. D. S. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 3, p. 423-431, 2010.

RODRIGUES, E. V.; DAHER, R. F.; SANTOS, A.; VIVAS, M.; MACHADO, J. C.; GRAVINA, G. D. A.; SOUZA, Y. P.; VIDAL, A. K.; ROCHA, A. S.; FREITAS, R. S. Selecting elephant grass families and progenies to produce bioenergy through mixed models (REML/BLUP). **Genetics and Molecular Research**, v. 16, 2017.

SAJJAD, M.; KHAN, N. U.; GUL, S.; KHAN, S. U.; BIBI, Z.; ALI, S.; ALI, N.; KHAN, S. A. Maize improvement through selfed progeny recurrent selection across different environments. **Pakistan Journal of Botany**, v. 52, n. 2, p. 541-549, 2020.

ŠAMEC, D.; URLIĆ, B.; SALOPEK-SONDI, B. Kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) as a superfood: Review of the scientific evidence behind the statement. **Critical reviews in food science and nutrition**, v. 59, n. 15, p. 2411-2422, 2018.

SILVA, J. O. C.; CREMASCO, J. P. G.; MATIAS, R. G. P.; SILVA, D. F. P.; SALAZAR, A. H.; BRUCKNER, C. H. Divergência genética entre populações de pessegueiro baseada em características da planta e do fruto. **Ciência Rural**, v. 44, n. 10, p. 1770-1775, 2014.

SILVA, F. H. D. L.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; FREITAS, J. C. D. O.; RODRIGUES, D. L.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D. Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 39, n. 2, p. 183-190, 2017.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S.; AZEVEDO, F. Q.; CARVALHO, A. D. Genotypic selection of advanced potato clones by REML/BLUP. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 2, p. 265-270, 2018.

SPINELLI, V. M.; DIAS, L. A. S.; ROCHA, R. B.; RESENDE, M. D. V. Estimates of genetic parameters with selection within and between half-sib families of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**, v. 69, p. 355-361, 2015.

THOMPSON, K. F.; HOWARD, H. W. Self-incompatibility in marrow-stem kale, *Brassica oleracea* var. *acephala*. II Methods for the recognition in inbred lines of plants homozygous for s alleles. **Journal of Genetics**, v. 56, p. 325-340, 1958.

TORTOSA, M.; VELASCO, P.; AFONSO, D.; PADILLA, G.; RÍOS, D.; SOENGAS, P. Characterization of a Spanish *Brassica oleracea* collection by using molecular and biochemical markers. **Scientia Horticulturae**, v. 219, p. 344-350, 2017.

TRANI, P. E.; TIVELLI, S. W.; BLAT, S. F.; PRELA-PANTANO, A.; TEIXEIRA, É. P.; ARAÚJO, H. S.; FELTRAN, J. C.; PASSOS, F. A.; FIGUEIREDO, G. J. B. de.; NOVO, M. do C. de S. S. **Couve de folha: do plantio à pós-colheita**. Campinas: Instituto Agronômico, 2015. 36 p. (Série Tecnologia Apta. Boletim Técnico IAC, 214).

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Estatística biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras**. Rio de Janeiro: Interciência, 2014. 282 p.

WATTS, L. E. Natural cross-pollination and the identification of hybrids between botanical varieties of *Brassica oleracea* L. **Euphytica**, v. 17, p. 74-80, 1968.

**ARTIGO CIENTÍFICO I: ANÁLISES BIOMÉTRICAS DE PROGÊNIES DE MEIOS-
IRMÃOS DE COUVE-DE-FOLHAS EM SEGUNDO CICLO DE SELEÇÃO
RECORRENTE**

RESUMO

Objetivou-se verificar a viabilidade de seleção de genótipos promissores e obter informações e estratégias para o melhoramento genético de couve-de-folhas em um segundo ciclo de seleção recorrente por meio da estimação de parâmetros genéticos, predição de ganhos com a seleção. O trabalho foi realizado em duas etapas referentes à recombinação de 25 progênes meios-irmãos pré-selecionadas do programa de melhoramento da couve-de-folhas da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), obtenção de sementes, e, posteriormente, avaliação. Estas etapas foram realizadas no Setor de Olericultura, de janeiro de 2018 a setembro de 2019. O delineamento adotado foi em blocos casualizados com quatro repetições e seis plantas por parcela. A primeira etapa foi realizada exclusivamente para a obtenção e coleta de sementes para a avaliação. Na segunda etapa foram avaliadas as plantas oriundas das sementes da primeira etapa, na qual realizou-se colheitas quinzenais a partir dos 30 dias após o transplântio (DAT), totalizando oito colheitas, avaliando-se a produtividade de folhas, massa média por folha, número de folhas e número de brotações. Também foi realizada a biometria das folhas, aos 150 DAT, e altura da planta e diâmetro do caule, aos 160 DAT. A maior herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foi observada para a altura da planta, seguida da massa média por folha. A produtividade de folhas apresentou ganhos de 11,80, 10,39 e 7,68%, para as intensidades de seleção de 10, 15 e 30% dos melhores indivíduos, respectivamente. Na avaliação dos ganhos de seleção indiretos para a intensidade de seleção de 10% dos indivíduos mostra que, quando a seleção for baseada no acréscimo no número de folhas, acarretará na diminuição de características relacionadas à dimensão das folhas. A estimativa dos parâmetros genéticos indica que há possibilidade de sucesso na seleção dos genótipos superiores, com ganhos satisfatórios para a produtividade de folhas.

Palavras chave: *Brassica oleracea* var. *acephala*. Modelos mistos. Parâmetros genéticos. REML/BLUP.

BIOMETRIC ANALYSIS OF KALE HALF-SIBLINGS PROGENIES A SECOND RECURRENT SELECTION CYCLE

ABSTRACT

The objective was verify the feasibility of selecting promising genotypes and obtain information and strategies for genetic improvement of kale in a second recurrent selection cycle by estimating genetic parameters and predicting gains with selection. The work was carried out in two stages, referring to the recombination of 25 pre-selected half-sibling progenies from a kale-breeding program of the Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), obtaining of seed, and subsequently evaluation. These steps were carried out in the Vegetable Crops sector, from January 2018 to September 2019. The design adopted was in randomized blocks with four replications and six plants per plot. The first stage was carried out exclusively for obtaining and collecting seeds for evaluation. In the second stage, plants originating from seeds of first stage were evaluated, in which fortnightly harvests were carried out from 30 days after transplanting (DAT), totaling eight harvests, evaluating leaf productivity, average mass per leaf, number of leaves and number of shoots. Leaf biometry was also performed at 150 DAT, and plant height and stem diameter at 160 DAT. The highest individual heritability in the narrow sense (h^2_a) was observed for plant height, followed by the average mass per leaf. Leaf productivity showed gains of 11.80, 10.39 and 7.68%, for selection intensities of 10, 15 and 30% of the best individuals, respectively. In evaluation of indirect selection gains for selection intensity of 10% of the individuals, it shows that when the selection is based on the increase in the number of leaves it will result in the reduction of characteristics related to the leaf size. The estimation of genetic parameters indicates that there is a possibility of success in selection of superior genotypes, with satisfactory gains for leaf productivity.

Keywords: *Brassica oleracea* var. *acephala*. Mixed models. Genetic parameters. REML/BLUP.

1 INTRODUÇÃO

O consumo da couve-de-folhas (*Brassica oleracea* var. *acephala*) tem crescido significativamente nos últimos anos, decorrente, principalmente, dos altos conteúdos de compostos benéficos à saúde. Quando comparada às outras variedades de brássicas, a couve-de-folhas destaca-se nos teores de proteínas, carboidratos, fibras, cálcio, ferro, vitaminas, niacina, carotenoides antioxidantes e glicosinolatos (BIEGAŃSKA-MARECIK *et al.*, 2017; KANG *et al.*, 2018; PARK *et al.*, 2018). Este aumento no consumo de couve-de-folhas tem levado à necessidade de expansão dos seus cultivos, de forma a atender a crescente demanda do mercado consumidor. Nesse sentido, torna-se necessário o desenvolvimento de cultivares em programas de melhoramento genético que busquem melhor desempenho produtivo e maior qualidade comercial.

Os programas de melhoramento da couve-de-folhas, ainda escassos, objetivam selecionar genótipos com menor altura, menor número de brotações e com maior número de folhas por planta, além da obtenção de genótipos resistentes às principais pragas das brássicas (AZEVEDO *et al.*, 2016). O desenvolvimento de cultivares com essas características permite o cultivo mais adensado, com maior rendimento por área, redução de tratos culturais e a menor perda de folhas devido ao ataque de pragas (AZEVEDO *et al.*, 2017). Dentre os métodos utilizados, a seleção recorrente é uma alternativa viável nos programas de melhoramento da cultura, a qual visa aumentar a frequência de alelos favoráveis, elevando a média das principais características sem esgotar a variabilidade genética da população (HALLAUER *et al.*, 2010).

Além da avaliação do desempenho agrônômico, outros estudos são importantes para o sucesso do programa de melhoramento de qualquer cultura, destacando-se a estimativa dos parâmetros genéticos. A estimativa de parâmetros genéticos auxilia na escolha da estratégia de melhoramento mais adequada para a cultura e permite realizar inferências sobre a predição de ganhos com a seleção (CRUZ *et al.*, 2012).

Em experimentos nos quais objetivam-se a seleção de genótipos, muitas das vezes há desbalanceamento quanto ao número de indivíduos e, nesses casos, as análises tradicionais como a análise de variância (ANOVA), levam às estimativas imprecisas de componentes de variância (RESENDE, 2007). Nessa situação, é recomendado o uso da metodologia de verossimilhança máxima restrita (REML) e a previsão dos valores genéticos por meio da melhor previsão imparcial linear (BLUP) (RESENDE, 2016). Esta metodologia permite a utilização da informação de parentesco entre os indivíduos, a comparação de indivíduos no

tempo e no espaço, a maximização de precisão seletiva, maximização do ganho com a seleção e o uso simultâneo de um grande número de informações para gerar estimativas mais precisas (VIANA; RESENDE, 2014).

Diante da escassez de trabalhos e da necessidade de fomentar o programa de melhoramento de couve-de-folhas, pesquisas devem ser realizadas. Logo, objetivou-se verificar a viabilidade de seleção de genótipos promissores e obter informações e estratégias para o melhoramento genético de couve-de-folhas em um segundo ciclo de seleção recorrente, por meio da estimação de parâmetros genéticos e a predição de ganhos com a seleção.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em duas etapas, ambas realizadas no Setor de Olericultura, do Departamento de Agronomia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), no campus JK, localizado em Diamantina-MG. O campus JK está situado a 1400 m de altitude, com coordenadas 18° 9' S de latitude e 43° 21' WGR. O solo predominante é do tipo Neossolo Quartzarênico Órtico Típico (EMBRAPA, 2013). Durante o período de execução do experimento, que compreendeu de janeiro de 2018 a setembro de 2019, a temperatura média foi de 18,87 °C e a umidade relativa média de 73,41% (INMET, 2020).

A primeira etapa, realizada de janeiro a dezembro de 2018, consistiu na recombinação de 25 progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas, obtidas no ciclo C1 do programa de melhoramento da UFVJM e selecionadas por Brito (2018) em Diamantina, Minas Gerais. O ciclo C0 consistiu na avaliação dos acessos do banco de germoplasma (AZEVEDO, 2012) e na avaliação das 24 progênies de meios-irmãos (AZEVEDO, 2015). Cada planta selecionada deu origem a uma nova progênie (família), avaliada posteriormente na segunda etapa do trabalho. Para a recombinação, foram coletadas quatro brotações de cada planta selecionada no ano de 2018. Essas brotações foram colocadas em bandejas de poliestireno com 72 células, preenchidas com substrato comercial Bioplant®, e mantidas em casas de vegetação por 40 dias para o enraizamento das mudas. Após esse período, selecionaram-se três mudas, as quais foram transplantadas em espaçamento de 0,75 m entre plantas por 1,00 m entre fileira, em delineamento em blocos casualizados para recombinação e obtenção das sementes. As sementes de cada clone foram colhidas quando as siliques apresentaram-se completamente secas, sendo agrupadas por planta-mãe e, posteriormente,

armazenadas em sacos de papel e câmara fria a 10 °C com 50% de umidade relativa, até a semeadura, em fevereiro de 2019.

A segunda etapa referiu-se ao teste agrônômico das progênes de meios-irmãos obtidas na primeira etapa, realizada de abril a setembro de 2019, utilizando-se as sementes das 25 progênes (tratamentos). A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno com 128 células (uma semente por célula), preenchidas com substrato comercial Bioplant® e mantidas em casa de vegetação, com irrigações diárias até o momento do transplântio. O solo foi preparado com uma aração e duas gradagens e, posteriormente, foram levantados canteiros com largura de 1,00 m e altura 0,20 m. O transplântio ocorreu aos 50 dias após a semeadura, no dia 09 de abril de 2019, quando as mudas apresentaram de três a quatro folhas totalmente expandidas. As mudas foram dispostas no campo em linhas duplas no canteiro, com espaçamento 0,5 m entre plantas do mesmo canteiro, e 1,00 m entre as fileiras de canteiros diferentes. O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso com quatro repetições e seis plantas por parcela. O manejo de plantas daninhas, pragas, doenças e a condução nutricional, na primeira e segunda etapa, foram realizados segundo recomendações para a cultura, em que foi realizada a adubação no momento do plantio e adubações de cobertura posterior a cada colheita (TRANI *et al.*, 2015).

As colheitas foram realizadas entre 30 e 150 dias após o transplântio (DAT), em intervalos quinzenais, totalizando-se oito colheitas. Todas as avaliações foram realizadas em nível de indivíduo (por planta). Foram avaliados: i) número de folhas (NF), caracterizadas por apresentarem comprimento igual ou superior a 15 centímetros, sem danos ocasionados pelo ataque de pragas e/ou patógenos e sem sinais de senescência (AZEVEDO *et al.*, 2014); ii) produtividade de folhas (PROD - t ha⁻¹), calculada com base na produção total de folhas comerciais de cada planta, multiplicada pela população de 20 mil plantas ha⁻¹, usada no experimento; iii) massa média por folha (MMF - g), obtida pela razão entre massa total de folhas e número de folhas e; iv) número de brotações (NB).

No momento da última colheita, aos 150 DAT, realizou-se a biometria das folhas, avaliando-se três folhas comerciais e representativas de cada planta, sendo obtidos os valores médios de: v) comprimento do pecíolo (CP - cm); vi) comprimento da folha (CF - cm); vii) comprimento do limbo foliar (CL - cm); viii) largura da folha (LF - cm); ix) diâmetro da base do pecíolo (DBP - mm); x) diâmetro do meio do pecíolo (DMP - mm). Aos 160 DAT avaliaram-se: xi) altura da planta (AP - cm) e; xii) diâmetro do caule (DC - mm).

A estimativa dos parâmetros genéticos e a predição de valores genéticos foram realizados por meio de modelos mistos REML/BLUP. Essas análises estatísticas foram

realizadas com o auxílio Programa SELEGEN - REML/BLUP (RESENDE, 2016). O modelo estatístico utilizado foi o de blocos completos, com progênies de meios-irmãos e uma avaliação por parcela (modelo 1), descrito pela equação: $y = Xr + Za + Wp + e$, em que y é o vetor dos dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios) e e é o vetor dos resíduos ou erros (assumidos como aleatórios).

O método REML/BLUP classificou os indivíduos de acordo com os valores genotípicos previstos encontrados para produtividade de folhas, número de folhas, número de brotações, altura da planta, diâmetro do caule e comprimento da folha, já que essas são as principais características relacionadas aos principais objetivos dos programas de melhoramentos da couve-de-folhas. Os ganhos diretos e indiretos foram calculados para todas as características avaliadas.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A maior herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) foi observada para a altura da planta (0,83), seguida pela massa média por folha (0,52), número de brotações (0,51), diâmetro da base do pecíolo (0,44), número de folhas (0,36), comprimento do pecíolo (0,34), produtividade de folhas (0,23) (TAB. 1). No ciclo anterior, em trabalho desenvolvido por Brito (2018), a maior h^2_a foi observada para o número de folhas (0,88). Neste trabalho, outras características como a altura da planta, produtividade de folhas e número de brotações apresentaram valores de média magnitude, sendo de 0,47, 0,35 e 0,34, respectivamente. Essas variações nos valores de herdabilidade são comuns em comparações de diferentes experimentos para a mesma cultura, visto que esse parâmetro é dependente da população avaliada e das condições experimentais submetidas (AZEVEDO, 2015). Já a herdabilidade em nível de médias de progênies (h^2_p) foi maior que a h^2_a para todas as características e com valores considerados de média e alta magnitude, exceto para comprimento do limbo foliar (CL), o que mostra a possibilidade de maiores ganhos com a seleção entre e dentro das progênies.

A h^2_a representa a relação entre a variância genética aditiva (σ^2_a) e a variância fenotípica (σ^2_f) e auxilia nos programas de melhoramento genético por quantificar a contribuição de genes aditivos na expressão da característica e a variância genética que será transmitida à próxima geração (OLIVEIRA *et al.*, 2018). Assim, a σ^2_a é o componente mais

importante da variação genotípica, pois representa a parte herdável para a geração futura (RODRIGUES *et al.*, 2017). As características com alta h^2_a devem ser priorizadas, pois indica a possibilidade de obtenção de maiores ganhos com seleção (VIANA; RESENDE, 2014). Valores de h^2 , seja h^2_a ou h^2_p , entre 0,15 a 0,50 são considerados médios e superiores a 0,50 de alta magnitude (RESENDE, 2007).

Os coeficientes de determinação dos efeitos de parcelas (C^2_{par}) foram considerados de baixa magnitude, com valores de 0,01 (NF e NB) a 0,25 (CL). Resende (2002) afirma que os valores inferiores a 0,10 indicam que pequena parte da variação fenotípica é causada pela variação ambiental entre as parcelas, o que é o mais desejado. O maior valor de acurácia seletiva (AC_{prog}) foi observado para altura da planta (0,91), seguida do número de brotações (0,88), massa média por folha (0,86) e número de folhas (0,84), diâmetro da base do pecíolo (0,82), comprimento do pecíolo (0,78), produtividade de folhas (0,72), diâmetro do meio do pecíolo (0,70). A AC_{prog} é a correlação entre os valores genéticos previstos e os verdadeiros dos indivíduos, e está relacionada à herdabilidade da característica, em que valores superiores à 0,70 são desejáveis em programas de melhoramento de plantas (RESENDE; DUARTE, 2007).

O coeficiente de variação genética (CV_g) variou de 1,65% a 17,78% para as características avaliadas, com os maiores valores para o número de brotações (17,78%), altura da planta (13,44%) e comprimento do pecíolo (9,36%) (TAB. 1). O CV_g mostra a magnitude da variação genética na população estudada, que quanto maior a variância genética maior o potencial de obtenção de ganhos genéticos (OLIVEIRA *et al.*, 2018). O coeficiente ambiental (CV_e) variou de 7,55 a 19,22%, valores classificados como baixo ($CV_e < 10\%$) ou médio ($CV_e < 20\%$) (PIMENTEL-GOMES, 2009). Valores CV_e baixos ou médios evidenciam a precisão experimental nas avaliações realizadas, no entanto esses valores devem ser analisados em conjunto com a acurácia seletiva (CRUZ *et al.*, 2012).

As progênies de meios-irmãos apresentaram produtividade média de folhas de 31,66 t ha⁻¹, com 39,38 folhas por planta (total de folhas em oito colheitas), massa média de 40,63 gramas por folha e comprimento da folha de 32,89 cm (TAB.1). Ao avaliar progênies de meios-irmãos, referentes ao ciclo C1, Brito (2018) observou plantas mais produtivas, com produtividade média 44,60 t ha⁻¹, 64,05 folhas por planta (média das progênies, considerando o total de folhas em 8 colheitas), porém de folhas menores, com 34,96 gramas por folha e comprimento médio 30,19 cm. A produtividade encontrada no trabalho atual foi inferior à observada por Brito (2018), possivelmente devido ao menor número de folhas produzidas, que foi aproximadamente 40% inferior ao verificado no trabalho deste autor. Isto influenciou

diretamente a produção total de folhas comerciais, considerando que em ambos os estudos foi avaliado o mesmo número de colheitas. Brito *et al.* (2019) ressaltam que nem sempre a maior emissão de folhas está relacionada à maior produtividade, já que isso também depende da massa individual dessas folhas. Outro fator que contribuiu para a menor produtividade nesse trabalho foi a época em que o experimento foi realizado, visto que o trabalho foi realizado no período de outono/inverno, o que favoreceu o florescimento da cultura, reduzindo a produtividade média de folhas, quando comparado com o experimento anterior que foi realizado na primavera/verão. A seleção baseada nessas características é fundamental em programas de melhoramento genético de couve-de-folhas, sobretudo o número de folhas por planta, já que a comercialização da cultura é realizada em maços de folhas (AZEVEDO *et al.*, 2017).

O número médio de brotações entre as progênies foi de 26,40 (TAB. 1), valor inferior aos encontrados por Brito (2018) e Azevedo (2015), os quais encontraram valores médios de 41,80 e 56,76 brotações, respectivamente, e consistem no C1 e C0 da seleção recorrente do programa de melhoramento. Em cultivares comerciais, esses valores são próximos à zero, pois as empresas produtoras de sementes selecionam genótipos que não produzem brotações para evitar a propagação vegetativa, aumentando assim a dependência da compra de sementes pelos produtores, além da diminuição dos tratos culturais que deverão ser realizados por estes nos cultivos de couve-de-folhas (AZEVEDO *et al.*, 2017; BRITO, 2018). Logo, em uma seleção visando produzir cultivares comerciais, o ideal é realizar a seleção de plantas com menor capacidade de produzir brotações. Entretanto, vale ressaltar que caso seja uma seleção visando à agricultura familiar, a presença de brotações pode ser uma característica de interesse, pois facilita a produção de mudas pelo produtor.

A altura média das plantas observada no trabalho foi de 30,25 cm, enquanto nas plantas do ciclo C1 foi de 67,28 cm (BRITO, 2018). Essa redução na altura da planta é um dos objetivos dos programas de melhoramento da cultura, visto que plantas menores facilitam a colheita das folhas comerciais, permitem o plantio mais adensado e reduzem a necessidade de tutoramento (NOVO *et al.*, 2010). Esta redução ainda pode ser explicada pelo fato que quanto mais avançado o ciclo de seleção recorrente em couve-de-folhas, menores alturas médias são esperadas. Todavia, esta diferença entre os ciclos tende a reduzir ao longo dos anos de melhoramento, uma vez que quanto mais melhorada é uma população, menores são os ganhos obtidos (OLIVEIRA *et al.*, 2018).

Para as intensidades de seleção de 10, 15 e 30%, os maiores ganhos foram observados para a seleção visando redução no número de brotações, com valores de -50,84, -

46,38 e -34,46%, respectivamente (TAB. 2). Para o número de folhas, os ganhos aditivos observados foram de 16,44, 13,99 e 9,72, para as mesmas intensidades de seleção. No primeiro ciclo, foram observados maiores ganhos para a seleção individual com valores de -31,46, -28,44, -22,05 para número de brotações e 46,63, 40,52 e 28,39% para o número de folhas considerando as intensidades de seleção de 10, 15 e 30%, respectivamente nas duas características (BRITO, 2018).

A produtividade de folhas apresentou ganhos de 11,80, 10,39 e 7,69%, para as intensidades de seleção de 10, 15 e 30% (TAB. 2). Considerando o tamanho efetivo populacional obtido nesse trabalho para essa característica (26,93), a seleção de 10% dos indivíduos superiores já permite uma representação adequada da população, pois nesta intensidade o tamanho efetivo é próximo ao número de progênies avaliadas. Caso objetive a melhoria de outras características, torna-se necessário alterar a intensidade mínima de seleção dos indivíduos. Um exemplo é em relação ao número de folhas, que exige uma seleção de pelo menos 15% dos primeiros indivíduos para uma recombinação adequada, de forma a atender o tamanho efetivo adequado e manter a variabilidade. A menor porcentagem de indivíduos selecionados proporciona maior ganho, entretanto, o tamanho efetivo populacional deverá ser adequado para assegurar a manutenção da variabilidade genética das futuras populações recombinantes, de forma a manter uma variabilidade genética adequada dentro da população (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017).

Os menores ganhos foram observados para o diâmetro do caule e comprimento da folha, em que a seleção de 30% dos indivíduos superiores obteve ganhos de 1,54 e 2,78%, respectivamente (TAB. 3). Esses valores são explicados por essas características citadas também apresentarem baixa herdabilidade. Em programas de melhoramento de couve-de-folhas, a seleção deverá priorizar características de interesse e com alta magnitude de herdabilidade, em que maiores ganhos serão observados com a seleção para essas características (AZEVEDO *et al.*, 2012).

Na avaliação dos ganhos de seleção indiretos, para a intensidade de seleção de 10% dos melhores indivíduos, mostra-se que quando a seleção for baseada no número de folhas acarretará indiretamente na redução da massa média por folha (-6,78), diâmetro da base do pecíolo (-4,55), comprimento do pecíolo (-2,60), diâmetro do meio do pecíolo (-1,45), comprimento da folha (-0,59), comprimento do limbo foliar (-0,18) e largura da folha (-0,14) (TAB. 4). Isso indica que quando a seleção visar o aumento no número de folhas ocorrerá a redução das características referentes à dimensão das folhas, o que dificultará a seleção nos programas de melhoramento genético de couve-de-folhas, pois selecionando-se genótipos que

produzem maior número de folhas, indiretamente haverá uma seleção para genótipos com folhas menores.

Considerando os ganhos indiretos para a redução da altura da planta e do número de brotações na população, observou-se que, caso a seleção seja realizada com esse objetivo ocorrerá a redução de todas as características avaliadas. Esse resultado não é interessante para os programas de melhoramento de couve-de-folhas, visto que seu objetivo é a seleção de plantas que produzem o mínimo de brotações, com diâmetro do caule e produtividades maiores (AZEVEDO *et al.*, 2017).

4 CONCLUSÕES

A estimativa dos parâmetros genéticos da população de couve-de-folhas estudada mostra presença de variabilidade genética e a possibilidade de seleção de genótipos promissores de couve-de-folhas para compor o terceiro ciclo de seleção.

A seleção individual para as principais características de programas de melhoramento da couve-de-folhas proporciona ganhos satisfatórios para próximo ciclo.

A seleção indireta de genótipos para o acréscimo no número de folhas acarretará na diminuição de características relacionadas à dimensão das folhas.

REFERÊNCIAS

- AZEVEDO, A. M. **Divergência, variabilidade genética e desempenho agronômico em genótipos de couve**. 2012. 52 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM, 2012.
- AZEVEDO, A. M. **Biometria aplicada ao melhoramento genético da couve de folhas**. 2015. 98 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa – UFV, 2015.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; FERNANDES, J. S. C.; VALADARES, N. R.; FERREIRA, M. R. A.; MARTINS, R. A. V. Desempenho agronômico e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, p. 1751-1758, 2012.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; FERNANDES, J. S. C.; FERREIRA, M. R. A.; MARTINS, R. A. V. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p. 51-57, 2014.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; ANDRADE, R. F.; SOUZA, J. R. S. Estudo da repetibilidade genética em clones de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 34, p. 54-58, 2016.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C. D.; SANTOS, A. A. D.; SOUSA JÚNIOR, A. S. D.; OLIVEIRA, A. J. M.; FERREIRA, M. A. M. Population parameters and selection of kale genotypes using Bayesian inference in a multi-trait linear model. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 1, p. 25-31, 2017.
- BIEGAŃSKA-MARECIK, R.; RADZIEJEWSKA-KUBZDELA, E.; MARECIK, R. Characterization of phenolics, glucosinolates and antioxidant activity of beverages based on apple juice with addition of frozen and freeze-dried curly kale leaves (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* L.). **Food chemistry**, v. 230, p. 271-280, 2017.
- BRITO, O. G. **Estudo genético e seleção de progênies de meios-irmãos de couve de folhas**. 2018. 79 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM, 2018.
- BRITO, O. G.; ANDRADE JÚNIOR, V. C. D.; AZEVEDO, A. M. D.; DONATO, L. M. S.; SILVA, L. R.; FERREIRA, M. A. M. Study of repeatability and phenotypical stabilization in kale using frequentist, Bayesian and bootstrap resampling approaches. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 41, 2019.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012, 512 p.
- CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, p. 271-276, 2013.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. 3. ed. Rio de Janeiro: Embrapa, 2013, 342 p.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**, New York: Springer, 2010. 663 p.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA – INMET. **Boletim Agroclimatológico Mensal**. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/>. Acesso em: 30 abr. 2020.

KANG, U.; RYU, S. M.; LEE, D.; SEO, E. K. Chemical constituents of the leaves of *Brassica oleracea* var. *acephala*. **Chemistry of Natural Compounds**, v. 54, n. 5, p. 1023-1026, 2018.

MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; COLOMBARI FILHO, J. M. Genetic variability during four cycles of recurrent selection in rice. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, p. 1033-1041, 2017.

NOVO, M. D. C. D. S.; PRELA-PANTANO, A.; TRANI, P. E.; BLAT, S. F. Desenvolvimento e produção de genótipos de couve manteiga. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 3, p. 321-325, 2010.

OLIVEIRA, J. A. A.; BRUCKNER, C. H.; SILVA, D. F. P. D.; SANTOS, C. E. M. D.; PENSO, G. A.; AQUINO, C. F. Estimation of genetic parameters and selection for rooting capacity in peach. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 320-324, 2018.

PARK, Y. J.; LEE, H. M.; SHIN, M.; ARASU, M. V.; CHUNG, D. Y.; AL-DHABI, N. A.; KIM, S. J. Effect of different proportion of sulphur treatments on the contents of glucosinolate in kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) commonly consumed in Republic of Korea. **Saudi journal of biological sciences**, v. 25, n. 2, p. 349-353, 2018.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

RODRIGUES, E. V.; DAHER, R. F.; SANTOS, A.; VIVAS, M.; MACHADO, J. C.; GRAVINA, G. D. A.; SOUZA, Y. P.; VIDAL, A. K.; ROCHA, A. S.; FREITAS, R. S. Selecting elephant grass families and progenies to produce bioenergy through mixed models (REML/BLUP). **Genetics and Molecular Research**, v. 16, 2017.

TRANI, P. E.; TIVELLI, S. W.; BLAT, S. F.; PRELA-PANTANO, A.; TEIXEIRA, É. P.; ARAÚJO, H. S.; FELTRAN, J. C.; PASSOS, F. A.; FIGUEIREDO, G. J. B.; NOVO, M. C. S. S. **Couve de folha:** do plantio à pós-colheita. Campinas: Instituto Agronômico, 2015. 36 p. (Série Tecnologia Apta, Boletim Técnico IAC, 214).

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras.** Rio de Janeiro: Interciência, 2014, 282 p.

Tabela 1 - Estimativa dos parâmetros genéticos em progênes de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.

Parâmetro	PROD	MMF	NF	NB	AP	DC
σ_a^2	15,48	45,54	28,76	88,10	66,13	1,18
σ_p^2	4,12	3,33	0,35	0,63	4,75	2,14
σ_e^2	47,95	38,55	50,05	84,67	9,22	13,52
σ_F^2	67,55	87,42	79,16	173,39	80,10	16,84
h_a^2	0,23	0,52	0,36	0,51	0,83	0,07
h_p^2	0,52	0,75	0,70	0,77	0,82	0,21
c_{parc}^2	0,06	0,04	0,01	0,01	0,06	0,13
AC_{prog}	0,72	0,86	0,84	0,88	0,91	0,45
$CVg\%$	6,22	8,31	6,81	17,78	13,44	2,03
$CVe\%$	11,84	9,68	8,90	19,22	12,61	7,96
Média geral	31,66	40,63	39,38	26,40	30,25	26,77
Parâmetro	CL	CP	CF	LF	DBP	DMP
σ_a^2	0,64	2,67	3,36	0,76	8,91	0,65
σ_p^2	2,65	0,56	5,19	1,76	1,62	0,27
σ_e^2	7,41	4,74	15,95	12,91	9,81	2,02
σ_F^2	10,70	7,96	24,50	15,42	20,34	2,94
h_a^2	0,06	0,34	0,14	0,05	0,44	0,22
h_p^2	0,14	0,61	0,29	0,16	0,67	0,49
C_{parc}^2	0,25	0,07	0,21	0,11	0,08	0,09
AC_{prog}	0,37	0,78	0,54	0,40	0,82	0,70
$CVg\%$	1,65	9,36	2,79	1,89	7,86	3,66
$CVe\%$	8,25	14,85	8,74	8,68	11,00	7,55
Média geral	24,16	8,73	32,89	23,04	18,99	11,00

Parâmetros: σ_a^2 (variância genética aditiva), σ_p^2 (variância ambiental entre parcelas), σ_e^2 (variância residual: ambiental + não aditiva), σ_f^2 (variância fenotípica individual), h_a^2 (herdabilidade individual no sentido restrito), c_{parc}^2 (coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas), h_p^2 (herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa), AC_{prog} (acurácia seletiva, assumindo sobrevivência completa), $CVg\%$ (coeficiente de variação genotípica entre progênes), $CVe\%$ (coeficiente de variação residual). Características: PROD (produtividade de folhas - t ha⁻¹), MMF (massa média por folha - g), NF (número de folhas), NB (número de brotações), AP (altura da planta), DC (diâmetro do caule), CL (comprimento do limbo foliar), CP (comprimento do pecíolo), CF (comprimento da folha), LF (largura da folha), DMP (diâmetro do meio do pecíolo), DBP (diâmetro da base do pecíolo)

Tabela 2 - Valor genético, ganho de seleção e tamanho efetivo com a seleção dos melhores indivíduos para produtividade de folhas, número de folhas e número de brotações avaliados em progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.

IS ¹	Ordem	Produtividade de folhas					Número de folhas					Número de brotações				
		IN ²	PR ³	VG ⁴	GS (%) ⁵	Ne ⁶	IN	PR	VG	GS (%)	Ne	IN	PR	VG	GS (%)	Ne
0,2	1	115	7	39,22	23,89	1,00	219	5	74,24	88,55	1,00	46	3	8,07	-68,34	1,00
0,4	2	99	6	39,05	23,63	2,00	165	3	58,17	68,14	2,00	58	3	8,45	-67,62	1,60
0,6	3	108	7	38,59	23,06	2,48	174	6	49,38	53,90	2,48	51	2	9,40	-66,19	2,00
0,7	4	133	8	36,95	21,48	3,49	171	3	49,08	46,59	2,67	29	1	9,40	-65,46	2,67
0,9	5	67	5	36,72	20,39	4,49	293	4	48,28	41,79	3,66	31	3	9,40	-65,03	3,51
1,0	6	68	5	36,22	19,39	5,08	231	5	48,06	38,50	4,36	56	1	9,92	-64,41	3,60
...
2,0	11	146	8	35,93	16,86	8,21	155	4	47,18	30,24	7,37	24	4	11,09	-61,69	4,72
...
3,0	16	79	6	35,67	15,62	10,67	166	4	45,52	26,07	8,18	294	5	11,97	-59,46	6,82
...
4,0	22	319	16	35,47	14,71	14,43	109	3	44,84	22,83	10,08	57	2	12,37	-57,60	9,39
...
5,0	27	424	21	35,22	14,11	16,28	153	2	44,77	21,15	11,08	47	4	12,97	-56,31	11,28
...
10,0	54	117	7	34,33	11,80	26,93	97	2	43,36	16,44	18,68	59	4	15,31	-50,84	21,69
...
15,0	80	309	16	33,71	10,39	31,05	146	1	42,49	13,99	24,64	209	1	17,13	-46,38	30,81
...
30,0	160	471	23	32,82	7,69	42,81	426	1	40,74	9,72	39,93	425	3	22,30	-34,46	49,43
...
100,0	534	57	4	25,01	0,08	85,74	57		30,57	0,10	85,74	501	3	51,46	0,54	85,74

¹/IS: intensidade de seleção, ²/IN: identificação, ³/PG: progênie, ⁴/VG: valor genético, ⁵/GS: Ganho aditivo com seleção, ⁶/NE: Tamanho efetivo.

Tabela 3 - Valor genético, ganho de seleção e tamanho efetivo com a seleção dos melhores indivíduos para altura da planta, diâmetro do caule e comprimento da folha avaliados em progênes de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.

IS ¹	Ordem	Altura da planta					Diâmetro do caule					Comprimento da folha				
		IN ²	PR ³	VG ⁴	GS (%) ⁵	Ne ⁶	IN	PR	VG	GS (%)	Ne	IN	PR	VG	GS (%)	Ne
0,2	1	201	1	15,91	-47,42	1,00	505	3	27,77	3,72	1,00	442	2	37,10	12,82	1,00
0,4	2	60	5	16,2	-46,95	2,00	448	3	27,74	3,68	2,00	310	5	35,68	10,65	2,00
0,6	3	47	4	16,44	-46,52	2,48	497	5	27,65	3,55	2,48	317	6	35,21	9,46	2,48
0,7	4	32	1	16,54	-46,23	3,49	496	4	27,64	3,48	2,67	329	6	35,21	8,86	2,67
0,9	5	50	1	16,6	-46,01	3,66	222	2	27,63	3,43	3,66	288	5	35,10	8,44	3,66
1,0	6	28	4	16,75	-45,78	4,36	510	2	27,56	3,35	3,69	421	4	34,89	8,05	4,65
...
2,0	11	63	3	17,54	-44,4	6,61	220	6	27,50	3,10	6,61	322	5	34,52	6,79	5,19
...
3,0	16	49	6	18,06	-43,28	6,73	442	2	27,45	2,94	9,73	321	4	34,40	6,15	6,97
...
4,0	22	270	4	18,9	-42,06	10,07	498	6	27,37	2,78	10,50	10	1	34,32	5,69	9,02
...
5,0	27	371	1	19,29	-41,08	12,46	110	4	27,34	2,67	11,90	319	6	34,2	5,41	9,29
...
10,0	54	375	5	21,73	-36,38	20,69	431	3	27,23	2,27	18,76	326	3	33,9	4,44	14,2
...
15,0	80	204	4	23,2	-32,87	27,41	111	5	27,18	2,05	21,30	134	6	33,7	3,87	22,5
...
30,0	160	134	6	26,33	-25,41	46,46	135	1	26,94	1,54	36,80	259	4	33,3	2,78	41,4
...
100,0	534	297	3	59,96	0,1071	85,74	162	6	25,67	0,00	85,74	235	4	30,7	0,02	85,7

¹/IS: intensidade de seleção, ²/IN: identificação, ³/PG: progênie, ⁴/VG: valor genético, ⁵/GS: Ganho aditivo com seleção, ⁶/NE: Tamanho efetivo

Tabela 4 - Ganhos de seleção diretos (valores em negrito) e indiretos para a seleção de 10 % dos indivíduos avaliados em progênes de meios-irmãos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina - MG, 2020.

Característica selecionada	Ganhos de seleção											
	PROD	MMF	NF	NB	AP	DC	CL	CP	CF	LF	DBP	DMP
PROD	11,80	14,30	5,77	3,81	9,86	1,06	0,68	7,15	1,96	0,80	5,67	2,32
MMF	6,66	23,32	-6,44	3,72	7,00	0,43	0,90	9,65	2,58	1,16	7,66	3,66
NF	5,26	-6,78	16,44	2,02	2,42	0,12	-0,18	-2,60	-0,59	-0,14	-4,55	-1,45
NB	-2,09	-1,03	-1,82	-50,84	-4,81	-0,67	-0,44	-2,99	-1,05	-0,26	-0,51	0,22
AP	-4,92	-4,23	-3,48	-16,82	-36,38	-0,32	-0,54	-3,12	-1,22	-0,42	-0,04	-0,77
DC	4,65	4,66	4,06	11,54	0,91	2,27	-0,17	4,82	0,36	0,23	2,28	1,08
CL	3,69	11,36	-3,66	7,05	4,19	-0,09	1,78	7,54	3,73	1,26	8,44	2,84
CP	4,55	8,97	-0,50	7,60	-0,86	0,70	0,33	21,39	3,15	0,50	6,31	1,22
CF	4,82	13,41	-3,90	6,68	4,07	0,14	1,50	16,95	4,44	1,32	11,18	2,8
LF	4,72	13,71	-4,86	13,77	4,91	0,65	1,10	9,52	2,90	2,08	6,49	3,95
DBP	4,09	12,41	-3,61	-2,81	3,11	0,28	0,71	7,06	1,97	0,52	18,62	5,00
DMP	3,54	12,94	-4,45	-1,03	3,09	0,26	0,56	4,08	1,37	0,87	13,36	6,79

Características: PROD (produtividade de folhas); MMF (massa média por folha); NF (número de folhas); NB (número de brotações); AP (altura da planta); DC (diâmetro do caule); CL (comprimento do limbo foliar); CP (comprimento do pecíolo); CF (comprimento da folha); LF (largura da folha); DMP (diâmetro do meio do pecíolo); DBP (diâmetro da base do pecíolo).

**ARTIGO CIENTÍFICO II: DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE
MEIOS-IRMÃOS DE COUVE-DE-FOLHAS AVALIADAS EM SEGUNDO CICLO
DE SELEÇÃO RECORRENTE**

RESUMO

Em populações submetidas à seleção recorrente, a aplicação do método é dificultada pela diminuição da variabilidade genética na população recombinante ao longo dos ciclos. Logo, o conhecimento da divergência genética entre os genitores é fundamental para o estabelecimento de novas recombinações e aumento da diversidade genética nas populações segregantes. Assim, objetivou-se avaliar a divergência genética entre progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas obtidas em segundo ciclo de seleção recorrente e selecionar progênies promissoras para compor a população recombinante para o terceiro ciclo. O trabalho foi realizado em duas etapas, referentes à recombinação de 25 progênies meios-irmãos pré-selecionadas do programa de melhoramento da couve-de-folhas da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), obtenção de sementes, e, posteriormente, avaliação. O delineamento adotado foi em blocos casualizados com quatro repetições e seis plantas por parcela. As características foram avaliadas em cada planta da parcela, sendo 12 quantitativas e 15 qualitativas, totalizando 27 características. Para a realização das análises foram adotados os valores médios da parcela. O estudo da divergência genética foi realizado por variáveis canônicas para os dados quantitativos e pelo método UPGMA para os dados quantitativos, qualitativos e conjuntos, utilizando-se a distância genética de Mahalanobis. As progênies de meios-irmãos P1, P2, P3, P4, P5, P9, P11, P15, P18, P20 e P25 foram as mais divergentes e devem ser priorizadas para compor a população recombinante para o terceiro ciclo de seleção recorrente. As cultivares comerciais foram os genótipos mais divergentes pelas técnicas de multivariadas estudadas. Assim, há divergência genética entre os genótipos avaliados em segundo ciclo de seleção recorrente.

Palavras-chave: *Brassica oleracea* var. *acephala*. Análise multivariada. Distância genética de Mahalanobis. Variáveis canônicas. Dendrograma.

GENETIC DIVERGENCE IN KALE HALF-SIBLINGS PROGENIES ASSESSED IN A SECOND RECURRENT SELECTION CYCLE

ABSTRACT

In populations submitted to recurrent selection, the application of the method is hampered by decrease in genetic variability in the recombinant population over the cycles. Therefore, knowledge of genetic divergence between the parents is essential for establishment of new recombination and an increase in genetic diversity in segregating populations. Thus, the objective was to evaluate genetic divergence between progenies of half-sibling of kale obtained in the second cycle of recurrent selection and select promising progenies to compose recombinant population for the third cycle. The work was carried out in two stages, referring to the recombination of 25 pre-selected half-sibling progenies from a kale-breeding program of the Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), obtaining of seeds, and subsequently evaluation. The adopted design was in randomized blocks with four replications and six plants per plot. The characteristics were evaluated in each plant of the plot, being 12 quantitative and 15 qualitative, totaling 27 characteristics. For carrying out the analyzes, average values of plot were adopted. The study of genetic divergence was performed using canonical variables for quantitative data and the UPGMA method for quantitative. Qualitative and joint data using the Mahalanobis genetic distance. The progenies of half-sibling P1, P2, P3, P4, P5, P9, P11, P15, P18, P20 and P25 were the most divergent and should be prioritized to compose recombinant population for the third cycle of recurrent selection, Commercial cultivars were the most divergent genotypes by the studied multivariate techniques. It is concluded that there is genetic divergence between the genotypes evaluated in the second cycle of recurrent selection.

Keywords: *Brassica oleracea* var. *acephala*. Multivariate analysis. Mahalanobis genetic distance. Canonical variables. Dendrogram.

1 INTRODUÇÃO

A couve-de-folhas (*Brassica oleracea* var. *acephala*) destaca-se entre as hortaliças folhosas devido ao seu elevado conteúdo de compostos benéficos à saúde humana, como proteínas, carboidratos, fibras, cálcio, ferro, vitaminas, niacina, carotenoides, antioxidantes e glicosinolatos (BIEGAŃSKA-MARECIK *et al.*, 2017; ŠAMEC *et al.*, 2018). Devido a isso, tem havido considerável aumento no seu consumo e isso resulta na necessidade de expansão dos seus cultivos, de forma a atender a crescente demanda do mercado consumidor, sendo necessárias pesquisas voltadas ao melhoramento genético da cultura.

Dentre os métodos de melhoramento adotados em programas de melhoramento, a seleção recorrente é uma alternativa viável e visa aumentar a frequência de alelos favoráveis, elevando a média das principais características (HALLAUER *et al.*, 2010). Em populações submetidas à seleção recorrente o conhecimento da diversidade genética é fundamental, pois determina estratégias que potencializam os ganhos com seleção (CRUZ *et al.*, 2012; MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017). Além disso, o estudo da divergência genética em programas de melhoramento permite estimar as relações genéticas na população, organizar o germoplasma disponível, identificar genótipos superiores para possíveis cruzamentos e/ou compor a população recombinante para o próximo ciclo, o que permite a aplicação dessas informações no desenvolvimento de cultivares (LI *et al.*, 2019; TOPWAL *et al.*, 2019).

As técnicas de análise multivariadas são ferramentas eficientes para quantificar o grau de diversidade entre os genótipos e combinam as informações de diferentes características em valor ou gráficos, auxiliando na comparação e classificação dos genótipos baseados no conjunto de características avaliadas (SULTANA; GHAFOR 2009; UYEDA *et al.*, 2015; BARTH *et al.*, 2020). Para isso, o uso de descritores agronômicos e morfológicos é uma forma eficiente e menos onerosa de se avaliar esta diversidade genética na população. Diversas técnicas podem ser empregadas para esse estudo, dentre elas, a análise de variáveis canônicas (VC) e os métodos de agrupamentos. O estudo sobre VC requer conhecimento aprimorado sobre estatística multivariada, todavia é de simples interpretação e baseia-se na criação de novas variáveis, no qual representa as variáveis originais mensuradas (CRUZ, 2014). Em contrapartida, os métodos de agrupamentos têm por objetivo a classificação dos genótipos em grupos, de forma que os genótipos dentro dos grupos sejam homogêneos e entre os grupos sejam heterogêneos (HAIR JR. *et al.*, 2005).

Apesar dessa importância, ainda são escassos os trabalhos sobre divergência genética por meio de diferentes técnicas multivariadas em couve-de-folhas, o que reforça a

necessidade de pesquisas que forneçam informações importantes para o melhoramento da cultura. Assim, objetivou-se neste estudo, avaliar a divergência genética entre progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas obtidas em segundo ciclo de seleção recorrente e selecionar as progênies mais promissoras para compor a população recombinante para terceiro ciclo.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em duas etapas, ambas realizadas no Setor de Olericultura, do Departamento de Agronomia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), no campus JK, localizado em Diamantina-MG. O campus JK está situado a 1400 m de altitude, com coordenadas 18° 9' S de latitude e 43° 21' WGR. O solo predominante da área é do tipo Neossolo Quartzarênico Órtico Típico (EMBRAPA, 2013). Durante o período de execução do experimento, que compreendeu de janeiro de 2018 a setembro de 2019, a temperatura média foi de 18,87 °C e a umidade relativa média de 73,41% (INMET, 2020).

A primeira etapa, realizada de janeiro a dezembro de 2018, consistiu na recombinação de 25 progênies de meios-irmãos de couve-de-folhas selecionadas que foram obtidas do ciclo C1 do programa de melhoramento da UFVJM (BRITO, 2018). O ciclo C0 consistiu na avaliação dos acessos do banco de germoplasma (AZEVEDO, 2012) e na avaliação das 24 progênies de meios-irmãos (AZEVEDO, 2015). Cada planta selecionada deu origem a uma nova progênie (família), avaliada posteriormente na segunda etapa do trabalho. Na recombinação, foram coletadas quatro brotações de cada planta selecionada e colocadas em bandejas de poliestireno com 72 células, preenchidas com substrato comercial Bioplant® e mantidas em casas de vegetação por 40 dias para o enraizamento das mudas. Após esse período, três mudas foram transplantadas em espaçamento de 0,75 m entre plantas por 1,00 m entre fileira, em delineamento em blocos casualizados para recombinação. As sementes de cada clone foram colhidas quando as síliquas apresentaram completamente secas, sendo agrupadas por planta-mãe e, posteriormente, armazenadas em sacos de papel e câmara fria a 10 °C com 50% de umidade relativa, até a semeadura, em fevereiro de 2019.

A segunda etapa referiu-se ao teste agrônômico das progênies de meios-irmãos obtidas na primeira etapa, realizada de abril a setembro de 2019, utilizando-se as sementes das 25 progênies de meios-irmãos (1-25) e três cultivares comerciais, Manteiga (C1), Manteiga da Geórgia (C2) e Manteiga Legítima pé Alto (C3). A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno com 128 células (uma semente por célula), preenchidas com substrato comercial

Bioplant® e acondicionadas em casa de vegetação, com irrigações diárias até o momento do transplântio.

O solo foi preparado com uma aração e duas gradagens e, posteriormente, foram levantados canteiros com largura de 1,00 m e altura 0,20 m. O transplântio ocorreu aos 50 dias após a semeadura, no dia 09 de abril de 2019, quando as mudas apresentaram de três a quatro folhas totalmente expandidas. As mudas foram dispostas no campo em linhas duplas no canteiro, com espaçamento 0,5 m entre plantas do mesmo canteiro e 1,00 m entre as fileiras de canteiros diferentes. O delineamento experimental adotado foi em blocos ao acaso com quatro repetições e seis plantas por parcela. O manejo de plantas daninhas, pragas, doenças e condução nutricional, na primeira e segunda etapa, foram realizados segundo recomendações para a cultura, em que foi realizada a adubação no momento do plantio e adubações de cobertura posterior a cada colheita (TRANI *et al.*, 2015). As avaliações consistiram de 12 características quantitativas e 15 qualitativas em nível de indivíduo (planta), sendo posteriormente utilizados para a análise estatística os valores médios de cada parcela.

As colheitas foram realizadas entre 30 e 150 dias após o transplântio (DAT), em intervalos quinzenais, totalizando-se oito colheitas. Todas as avaliações foram realizadas em nível de indivíduo (por planta). Foram avaliados: i) número de folhas, caracterizadas por apresentarem comprimento igual ou superior a 15 centímetros, sem danos ocasionados pelo ataque de pragas e/ou patógenos e sem sinais de senescência (AZEVEDO *et al.*, 2014); ii) produtividade de folhas ($t\ ha^{-1}$), calculada com base na produção total de folhas comerciais de cada planta, multiplicada pela população de 20 mil plantas ha^{-1} , usada no experimento; iii) massa média por folha (g), obtida pela razão entre massa total de folhas e número de folhas e; iv) número de brotações.

No momento da última colheita, aos 150 DAT, realizou-se a biometria das folhas, avaliando-se três folhas comerciais e representativas de cada planta, sendo obtidos os valores médios de: v) comprimento do pecíolo (cm); vi) comprimento da folha (cm); vii) comprimento do limbo foliar (cm); viii) largura da folha (cm); ix) diâmetro da base do pecíolo (mm); x) diâmetro do meio do pecíolo (mm). Aos 160 DAT avaliou-se: xi) altura da planta (cm); xii) diâmetro do caule (mm).

As características qualitativas foram avaliadas aos 145 DAT, por meio da escala de notas proposta pelo *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR, 1990), sendo elas: i) incisão foliar; ii) formato do ápice; iii) espessura do limbo foliar; iv) ângulo foliar; v) formato do limbo foliar; vi) margem foliar; vii) bolhas no limbo foliar; viii) ponta da

folha; ix) cor da folha; x) alargamento do pecíolo; xi) seção do pecíolo; xii) altura da haste; xiii) cor do pecíolo; xiv) cor da nervura e; xv) coloração da haste.

As análises estatísticas foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2019). A análise estatística dos dados quantitativos foi realizada em nível de média da parcela, em que foram submetidos à análise multivariada por meio de variáveis canônicas (VC). Após o cálculo da matriz de dissimilaridade para os dados quantitativos pelo método de Mahalanobis, elaborou-se um dendrograma pelo método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Os dados qualitativos, referentes às escalas de notas, foram compilados em uma matriz com o percentual de ocorrência de cada nota de cada característica avaliada, com estimação posterior da distância euclidiada (CRUZ *et al.*, 2014). A análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos foi realizada a partir da média ponderada dessas matrizes considerando o número de descritores avaliados após a normalização destas para ter valores entre 0 e 1. Após a obtenção destas matrizes foram confeccionados dendrogramas utilizando-se o método UPGMA. O ponto de corte dos dendrogramas foi estabelecido segundo Mojena (1977). A correlação entre as três matrizes de dissimilaridade obtidas foi estimada e testou sua significância pelo teste Mantel com 1000 simulações.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância multivariada (MANOVA) indicou que existe efeito significativo ($p < 0,05$) considerando as características quantitativas (TAB. 1). As três primeiras variáveis canônicas foram responsáveis por explicar 73,75% da variação total acumulada. A primeira variável canônica (VC1) representou 37,64%, a segunda (VC2) 26,75% e a terceira (VC3) 9,36% (FIG. 1). Para que a interpretação da divergência genética por variáveis canônicas seja satisfatória é indicado que as primeiras variáveis canônicas expliquem pelo menos 70% da variação total do conjunto de dados avaliados. Logo, as três primeiras variáveis foram as mais eficientes em representar a variabilidade manifestada entre os genótipos.

Na interpretação gráfica da apresentação dos escores para a primeira variável canônica (VC1) (FIG. 1A e B) nota-se a dispersão das cultivares comerciais C1 (Manteiga) e C2 (Manteiga da Geórgia) C3 (Manteiga Legítima Pé Alto), as quais foram mais divergentes em relação às progênies meios-irmãos. Ao analisar apenas as progênies meios-irmãos, observou-se que P3, P4, P16 e P25 ficaram dispersas das demais progênies. As características número de folhas, a massa média por folhas e os diâmetros da base e meio do pecíolo foram

apresentaram as maiores correlações com a VC1, sendo que apenas a correlação com o número de folhas negativa (TAB. 1). As cultivares C1 e C2 (escores negativos em VC1) divergiram fortemente da C3 por apresentarem maior número de folhas, porém com menor massa média por folha e menores diâmetros da base e meio do pecíolo.

Considerando a segunda variável canônica (VC2) (FIG. 1A e C), as maiores correlações foram observadas com a massa média por folha, número de brotações, largura da folha e altura da planta, todas de intensidade negativa (TAB. 1). Além disso, as três cultivares comerciais estudadas, C1, C2 e C3 (escores positivos em VC2) apresentaram menor número de brotações, folhas mais estreitas e menor altura das plantas, antagonicamente ao observado para as progênies P3, P16 e P25. Essas características são comuns em cultivares comerciais couve-de-folhas, pois em programas de melhoramento genético da cultura buscam-se a seleção de genótipos compactos e produtivos (AZEVEDO *et al.*, 2017).

Ao avaliar dispersão das progênies de meios-irmãos, observou-se que P3, P16 e P25 divergiram das demais por apresentarem menor número de folhas, porém com folhas de maior massa média e maiores diâmetros da base e meio do pecíolo, ao contrário do verificado para as progênies de meios-irmãos P2, P9, P11, P15 e P18. Sendo assim, as progênies P2, P9, P11, P15 e P18 devem ser priorizadas no próximo ciclo de recombinação por apresentarem características de interesse ao programa de melhoramento da cultura. A progênie P4 também deverá ser incluída na população recombinante, pois esta apresentou menor número de brotações e poderá auxiliar na redução dessa característica nos próximos ciclos.

Para a dispersão dos genótipos na análise dos escores da terceira variável canônica (VC3), (FIG. 1B e C), P1, P2, P3, P4, P5, P9, P11, P15, P16, P18, P20, P25 e a cultivar comercial C1 ficaram dispersas dos demais genótipos. Na VC3 as principais correlações foram estabelecidas com a produtividade de folhas e altura da planta, ambas apresentaram correlações negativas. Dessa forma, os genótipos C1, P1, P3, P5, P9, P15, P20 e P25 apresentaram as maiores produtividades e altura da planta quando comparadas às progênies P2, P4, P11 e P18. Logo, a recombinação entre esses genótipos é de interesse, uma vez que aumenta a possibilidade de obter-se genótipos mais produtivos e menores, o que é de grande interesse para o melhoramento da cultura.

Esses genótipos com características divergentes dos demais são de interesse para obtenção de novas recombinações, todavia, é importante destacar que a seleção das cultivares comerciais para este propósito pode limitar cruzamentos com as progênies meios-irmãos, uma vez que as cultivares comerciais de couve-de-folhas possuem capacidade reduzida de florescimento (BRITO, 2018). Assim, uma opção é recombinar os genótipos em locais onde

todos venham a florir, inclusive as cultivares comerciais, e posteriormente avaliar agronomicamente as sementes obtidas em um local desejado.

O dendrograma obtido pelo método UPGMA para as características quantitativas apontou a formação de três grupos (FIG. 2A). O primeiro grupo foi formado pela cultivar C3, o segundo grupo pelas cultivares C1 e C2 e o terceiro agrupou por todas as progênies de meios-irmãos avaliadas. O agrupamento das progênies de meios-irmãos em um mesmo grupo evidencia a pequena variabilidade genética para essas características quantitativas. Entretanto, dentro do grupo formado pelas progênies de meios-irmãos, as mais divergentes geneticamente foram P1, P4, P16, P18, evidenciando que essas progênies devem ser priorizadas para a próxima etapa da seleção recorrente, que consiste na etapa de recombinação (FIG. 2A). Estas progênies também se mostraram divergentes pelo estudo de variáveis canônicas, ressaltando a importância dessas progênies na população recombinante para o próximo ciclo de seleção. A divergência genética na população recombinante é essencial, pois auxilia na identificação dos genótipos mais divergentes que apresentarão maior potencial heterótico para o próximo ciclo de recombinação poderá obter maiores ganhos genéticos (LI *et al.*, 2019).

O dendrograma para as características qualitativas mostrou que houve maior divergência genética em relação aos dados quantitativos, havendo a formação de quatro grupos distintos (FIG. 2B). A cultivar C3 e as progênies meios-irmãos P4, P7, P16 e P24 foram os genótipos mais divergentes dos demais avaliados. As cultivares C1 e C2 e mais 19 progênies formaram um único grupo, indicando que essas progênies apresentam características qualitativas semelhantes às essas cultivares comerciais, o que pode ser de interesse para o melhoramento, pois podem potencializar a aceitação comercial dos genótipos segregantes.

Na análise conjunta das características quantitativas e qualitativas, o dendrograma formado evidenciou divergência genética entre as cultivares comerciais e as progênies de meios-irmãos avaliadas (FIG. 2C). Brito (2018), avaliando o primeiro ciclo de seleção recorrente, encontrou maior divergência genética na análise conjunta de características quantitativas e qualitativas em progênies de meios-irmãos em Diamantina - MG, com a formação de seis grupos distintos. Essa redução na diversidade genética entre os genótipos avaliados em sucessivos ciclos de seleção e recombinação é esperada (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017), tendo em vista a seleção de genótipos com caracteres mais semelhantes. Entretanto, dentro do grupo formado pelas progênies de meios-irmãos, foi possível identificar as progênies P2, P4, P16 e P24 como as mais divergentes das demais.

A análise conjunta em que se considera características quantitativas e qualitativas agregará informações importantes aos programas de melhoramento, pois permitirá maior conhecimento da divergência genética entre os genótipos avaliados (MACHADO *et al.*, 2015). No entanto, a seleção de genitores em programas de melhoramento de couve-de-folhas prioriza as características quantitativas, pois consistem nos principais objetivos dos programas melhoramento genético da couve-de-folhas (BRITO, 2018). Todavia, quando buscam genótipos com diferentes formatos de folhas, bordas ou colorações, por exemplo, os estudos qualitativos são de grande relevância. Atualmente, o mercado consumidor basicamente tem preferência por folhas verde-claras, de bordos lisos, poucas bolhas e nervuras não proeminentes.

Os coeficientes de correlação cofenética foram de 0,96 para as características quantitativas, 0,77 para as características qualitativas e 0,91 para a análise conjunta (FIG. 2). Estes coeficientes mostraram que há boa correlação entre a matriz de dissimilaridade e os dendrogramas gerados a partir delas, em que valores superiores a 0,80 indicam alta confiabilidade da interpretação dos dendrogramas (SOKAL; ROHLF, 1962; SARAÇLI *et al.*, 2013).

Ao comparar os agrupamentos para as características quantitativas pelas técnicas das variáveis canônicas (FIG. 1A) e UPGMA (FIG. 2A), observou-se semelhanças entre a dispersão dos genótipos e os grupos formados pelo método aglomerativo, como a maior divergência genética entre a C3 e os demais genótipos avaliados, e o agrupamento formado pelas cultivares C1 e C2. No entanto, é comum encontrar diferenças entre as duas metodologias (AZEVEDO *et al.*, 2013). Essas diferenças entre os agrupamentos são justificadas pelo fato de as variáveis canônicas considerarem a matriz de covariância residual e a covariância fenotípica entre as características avaliadas e os métodos aglomerativos, os dendrogramas, considerarem as medidas de dissimilaridade entre os genótipos (CRUZ *et al.*, 2012). Portanto, a comparação entre esses resultados obtidos por diferentes metodologias de análise multivariada permite uma interpretação mais precisa dos resultados (AZEVEDO *et al.*, 2015).

As médias das distâncias de Mahalanobis variaram de 16,41 a 148,11 para as características quantitativas, de 70,91 a 108,82 para as características qualitativas e de 0,32 a 0,74 para a análise conjunta (TAB. 2). A cultivar Manteiga Legítima Pé Alto (C3) apresentou a maior divergência em relação aos demais genótipos avaliados considerando as características quantitativas e na análise conjunta. Em relação às características qualitativas, além da C3 as progênies P2, P18, P24 também apresentaram as maiores distâncias, ou seja,

maior divergência. Tais informações são importantes, pois permitem estabelecer genótipos que devem ser recombinados nos próximos ciclos.

A matriz de dissimilaridade para o dendrograma da análise conjunta apresentou valores de correlações altos e significativos com as matrizes de dissimilaridade obtidas para as variáveis quantitativas (0,90) e qualitativas (0,84) (TAB. 3). A correlação entre as matrizes de dissimilaridade das características quantitativas e qualitativas apresentou intensidade moderada e significativa (0,51), o que implica em menor associação entre essas variáveis no estudo da divergência genética entre os genótipos avaliados. No estudo da divergência genética em genótipos de quiabo com a avaliação de características quantitativas, qualitativas e moleculares também foi observada a baixa associação entre os diferentes tipos de descritores (MASSUCATO *et al.*, 2020). Portanto, apesar da formação de diferentes agrupamentos pelo método UPGMA para características qualitativas ou quantitativas, a análise conjunta em estudos sobre divergência genética poderá fornecer informações importantes complementares para o melhoramento genético da cultura (ANDRADE *et al.*, 2017).

4 CONCLUSÕES

Há divergência genética entre os genótipos avaliados em segundo ciclo de seleção recorrente e é possível a seleção de progênies para compor o terceiro ciclo de seleção.

As progênies de meios-irmãos P1, P2, P3, P4, P5, P9, P11, P15, P18, P20 e P25 devem ser priorizadas para compor a população recombinante para o terceiro ciclo de seleção recorrente, pois além da divergência, apresentam características de interesse para o programa de melhoramento da couve-de-folhas.

As cultivares comerciais são os genótipos mais divergentes em relação às progênies meios-irmãos, considerando as técnicas multivariadas com variáveis quantitativas.

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, E. K. V. D.; ANDRADE JÚNIOR, V. C. D.; LAIA, M. L. D.; FERNANDES, J. S. C.; OLIVEIRA, A. J. M.; AZEVEDO, A. M. Genetic dissimilarity among sweet potato genotypes using morphological and molecular descriptors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 4, p. 447-455, 2017.
- AZEVEDO, A. M. **Divergência, variabilidade genética e desempenho agronômico em genótipos de couve**. 2012. 52 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM, 2012.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; OLIVEIRA, C. M.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; DORNAS, M. F. S.; CASTRO, B. M. C. Seleção de genótipos de alface para cultivo protegido: divergência genética e importância de caracteres. **Horticultura Brasileira**, v. 31, n. 2, p. 260-265, 2013.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; PEDROSA, C. E.; VALADARES, N. R.; FERNANDES, J. S. C.; FERREIRA, M. R. A.; MARTINS, R. A. V. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p. 51-57, 2014.
- AZEVEDO, A. M.; DE ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FIGUEIREDO, J. A.; PEDROSA, C. E.; VIANA, D. J. S.; LEMOS, V. T.; NEIVA, I. P. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 10, n. 3, p. 479-484, 2015.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C. D.; SANTOS, A. A. D.; SOUSA JÚNIOR, A. S. D.; OLIVEIRA, A. J. M.; FERREIRA, M. A. M. Population parameters and selection of kale genotypes using Bayesian inference in a multi-trait linear model. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 39, n. 1, p. 25-31, 2017.
- BARTH, E.; RESENDE, J. T. V. D.; MOREIRA, A. F. P.; MARIGUELE, K. H.; ZEIST, A. R.; SILVA, M. B.; STULZER, G. C. G.; MAFRA, J. G. M.; GONÇALVES, L. S. A.; ROBERTO, S. R.; YOUSSEF, K. Selection of Experimental Hybrids of Strawberry Using Multivariate Analysis. **Agronomy**, v. 10, n. 4, p. 598, 2020.
- BIEGAŃSKA-MARECIK, R.; RADZIEJEWSKA-KUBZDELA, E.; MARECIK, R. Characterization of phenolics, glucosinolates and antioxidant activity of beverages based on apple juice with addition of frozen and freeze-dried curly kale leaves (*Brassica oleracea* L. var. *acephala* L.). **Food chemistry**, v. 230, p. 271-280, 2017.
- BRITO, O. G. **Estudo genético e seleção de progênies de meios-irmãos de couve de folhas**. 2018. 79 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – UFVJM, 2018.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 5. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2014. v. 2. 668 p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. 3. ed. Rio de Janeiro: Embrapa, 2013, 342 p.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA - INMET. **Boletim Agroclimatológico Mensal**. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/>. Acesso em: 30 abr. 2020.

IBPGR. **Descriptors for Brassica and raphanus**. Rome: International Board for Plant Genetic Resources, 1990. 58 p.

HAIR JR., J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L.; BLACK, C. **Análise multivariada de dados**, Porto Alegre: Bookman, 2005.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**, New York: Springer, 2010. 663 p.

LI, Z.; MEI, Y.; LIU, Y.; FANG, Z.; YANG, L.; ZHUANG, M.; ZHANG, Y.; LV, H. The evolution of genetic diversity of broccoli cultivars in China since 1980. **Scientia Horticulturae**, v. 250, p. 69-80, 2019.

MACHADO, C. D. F.; DE JESUS, F. N.; LEDO, C. A. S. Genetic divergence of the accessions of passion fruit using quantitative and qualitative descriptors. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 37, n. 2, p. 442-449, 2015.

MASSUCATO, L. R.; NAKAMURA, K. K.; RUAS, P. M.; ZEFFA, D. M.; SILVA, D. J. H. D.; GONÇALVES, L. S. A. Genetic diversity among Brazilian okra landraces detected by morphoagronomic and molecular descriptors. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, 2020.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MORAIS JÚNIOR, O. P. D.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P. D.; COLOMBARI FILHO, J. M. Genetic variability during four cycles of recurrent selection in rice. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 11, p. 1033-1041, 2017.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 24 abr. 2020.

SARAÇLI, S.; DOĞAN, N.; DOĞAN, İ. Comparison of hierarchical cluster analysis methods by cophenetic correlation. **Journal of Inequalities and Applications**, v. 2013, n. 1, p. 203, 2013.

ŠAMEC, D.; URLIĆ, B.; SALOPEK-SONDI, B. Kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) as a superfood: Review of the scientific evidence behind the statement. **Critical reviews in food science and nutrition**, v. 59, n. 15, p. 2411-2422, 2018.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, p. 33-40, fev. 1962.

SULTANA, T.; GHAFOR, A. Botanical and molecular evidences of landraces from the germplasm exclusively collected from Baluchistan, a centre of diversity for *lens culinaris*. **African Journal of Biotechnology**, v. 8, p. 5310-5315, 2009.

TOPWAL, M.; SINGH, D. K.; SHANKER, K. A review on cauliflower (*Brassica oleracea* (L.) var. *botrytis*) genotypes for genetic variability, heritability, genetic advance and correlation coefficients studies. **International Journal of Chemical Studies**, v. 7, p. 48-54, 2019.

TRANI, P. E.; TIVELLI, S. W.; BLAT, S. F.; PRELA-PANTANO, A.; TEIXEIRA, É. P.; ARAÚJO, H. S.; FELTRAN, J. C.; PASSOS, F. A.; FIGUEIREDO, G. J. B.; NOVO, M. C. S. S. **Couve de folha**: do plantio à pós-colheita. Campinas: Instituto Agronômico, 2015. 36 p. (Série Tecnologia Apta, Boletim Técnico IAC, 214).

UYEDA, J.; CAETANO, D.; PENNELL, M. Comparative analysis of principal componentes can be misleading. **Systematic Biology**, v. 64, p. 677–689, 2015.

Tabela 1 - Resumo da análise de variância multivariada para as características quantitativas avaliadas em genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.

	Df	Pillai	approx F	num Df	den Df	Pr (>F)
Genótipo	27	2,17	4	324	5820	0,00
Bloco	3	0,4	6	36	1428	0,00
Entre	81	2,09	1	972	5820	0,00
Dentro	485					

Figura 1 - Escores canônicos padronizados para as três primeiras variáveis canônicas, apresentadas de forma bidimensional para genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.

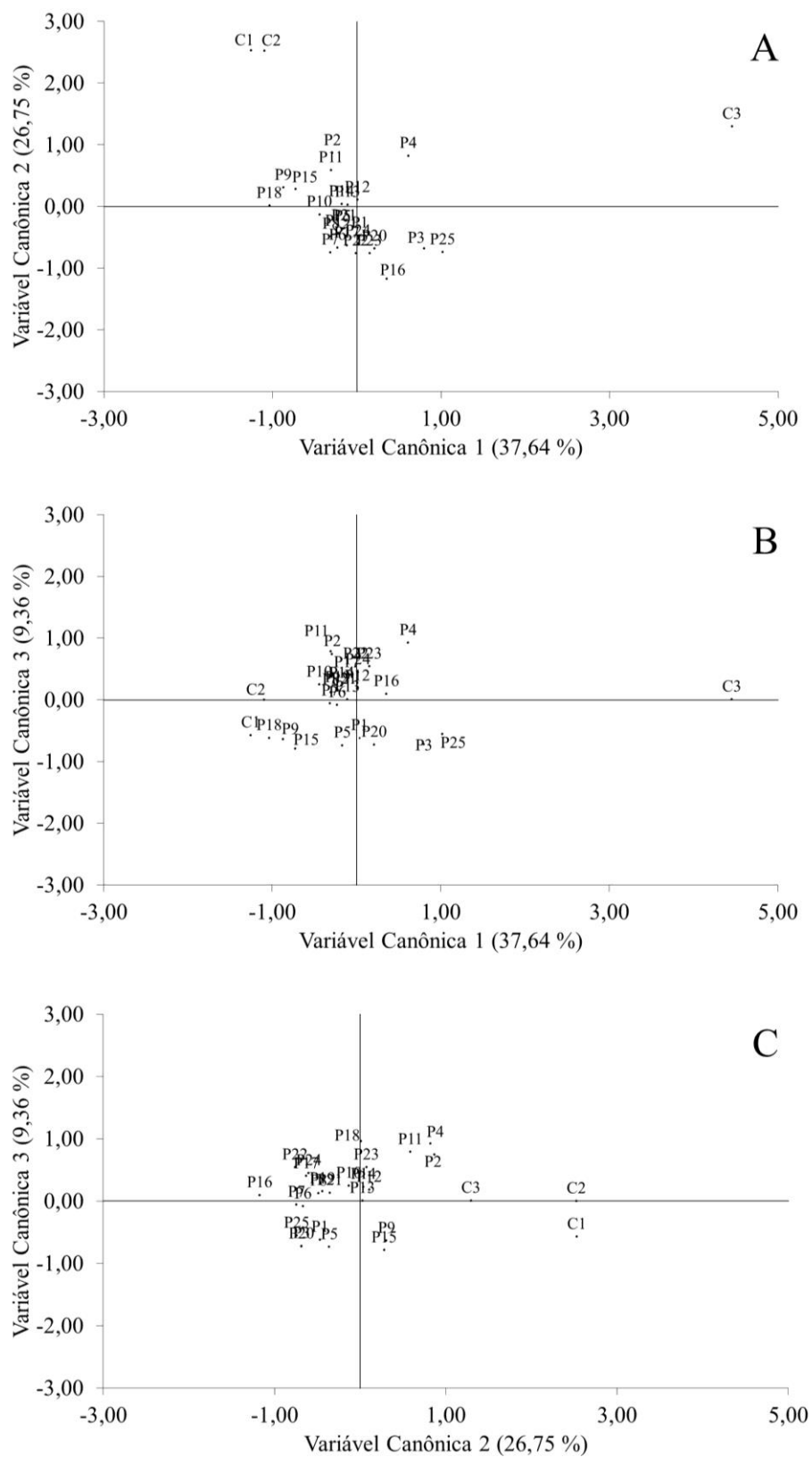


Tabela 2 - Correlações entre as três primeiras variáveis canônicas e as características quantitativas avaliadas em genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.

Características	VC1	VC2	VC3
Número de folhas	-0,74	0,49	-0,24
Produtividade de folhas	-0,35	-0,28	-0,61
Massa média por folha	0,58	-0,63	-0,24
Número de brotações	-0,13	-0,91	0,14
Comprimento do pecíolo	-0,30	-0,17	-0,28
Comprimento da folha	-0,42	-0,30	-0,26
Comprimento do limbo foliar	-0,41	-0,36	-0,14
Largura da folha	0,20	-0,59	-0,18
Diâmetro da base do pecíolo	0,75	-0,09	-0,25
Diâmetro do meio do pecíolo	0,96	0,05	-0,20
Altura da planta	-0,04	-0,74	-0,67
Diâmetro do caule	0,44	-0,18	0,05

Figura 2 - Dendrogramas obtidos pelo método UPGMA a partir de matrizes de dissimilaridade baseadas em características quantitativas (A), características qualitativas (B) e análise conjunta (quantitativas + qualitativas) (C), em genótipos de couve-de-folhas, UFVJM.

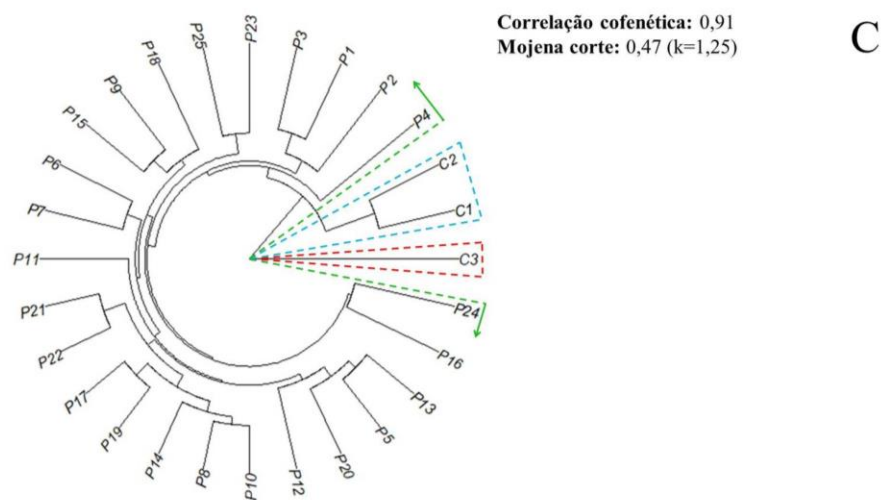
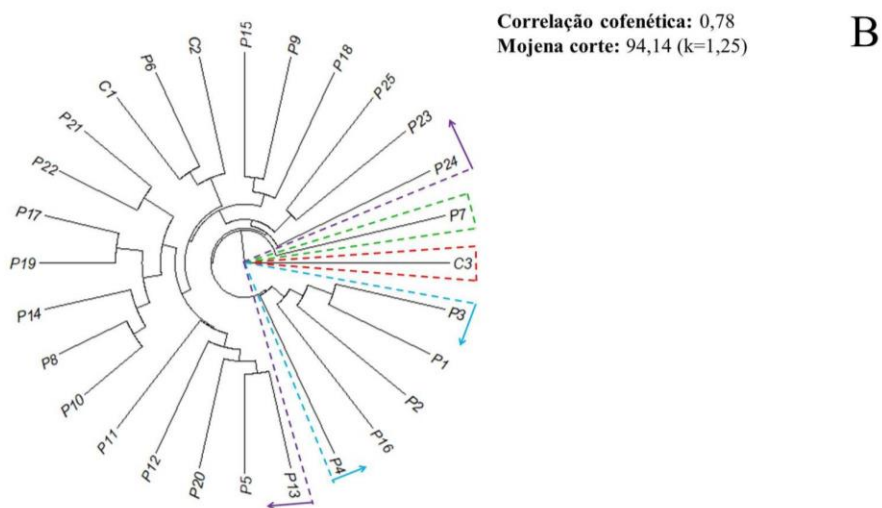
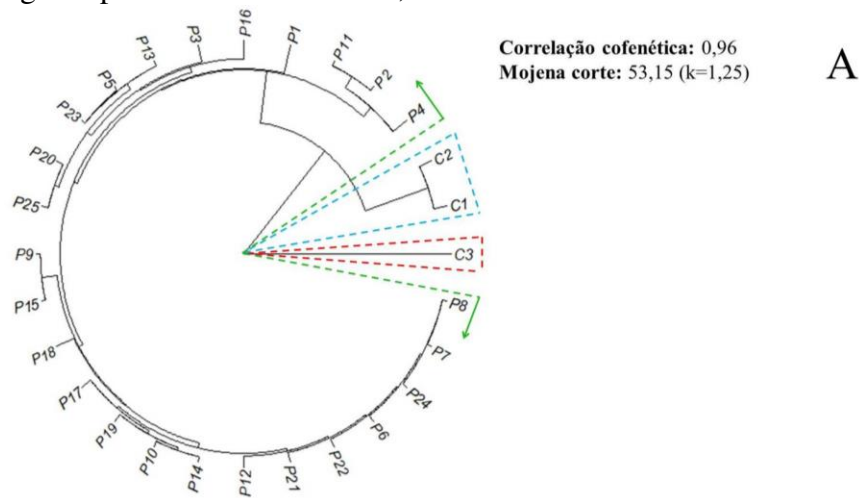


Tabela 3 - Distâncias entre genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.

Progênes	Quantitativo			Qualitativo			Conjunto		
	DM ^{1/}	MP ^{2/}	MD ^{3/}	DM ^{1/}	MP ^{2/}	MD ^{3/}	DM ^{1/}	MP ^{2/}	MD ^{3/}
P1	29,21	P5	C3	86,16	P3	P18	0,40	P3	C3
P2	24,09	P11	C3	93,85	P1	P24	0,42	P1	C3
P3	28,38	P25	C3	91,54	P1	P18	0,42	P1	C3
P4	31,11	P2	C3	91,51	P21	P24	0,43	P21	C3
P5	19,17	P23	C3	75,28	P13	P2	0,34	P13	C3
P6	23,81	P7	C3	77,41	C1	C3	0,36	P14	C3
P7	21,83	P8	C3	92,44	P6	P18	0,41	P6	C3
P8	18,33	P7	C3	77,63	P10	C3	0,35	P10	C3
P9	24,39	P15	C3	82,32	P13	C3	0,38	P15	C3
P10	19,28	P14	C3	70,91	P8	C3	0,32	P8	C3
P11	20,67	P2	C3	81,04	P10	C3	0,37	P10	C3
P12	21,30	P14	C3	81,86	P13	C3	0,37	P13	C3
P13	16,41	P5	C3	73,78	P5	C3	0,33	P5	C3
P14	16,82	P8	C3	71,93	P10	C3	0,32	P10	C3
P15	22,03	P9	C3	86,17	P9	C3	0,39	P9	C3
P16	28,08	P17	C3	86,3	P13	C3	0,4	P13	C3
P17	24,38	P22	C3	74,66	P19	C3	0,35	P19	C3
P18	30,31	P10	C3	91,83	P14	C3	0,43	P14	C3
P19	23,40	P10	C3	79,45	P17	C3	0,36	P17	C3
P20	23,73	P25	C3	78,86	P5	C3	0,36	P5	C3
P21	22,36	P8	C3	72,04	P22	C3	0,33	P22	C3
P22	22,46	P8	C3	78,36	P21	C3	0,36	P21	C3
P23	19,99	P5	C3	86,67	P21	C3	0,39	P21	C3
P24	21,17	P7	C3	94,62	P10	C3	0,42	P10	C3
P25	27,05	P20	C3	92,25	P17	C3	0,42	P17	C3
C1	61,46	C2	C3	82,43	P6	P24	0,46	P27	C3
C2	58,43	C1	C3	87,85	P6	P24	0,47	P26	C3
C3	148,11	P4	P18	108,82	P1	P18	0,74	P4	P18

^{1/}DM: distância média; ^{2/}MP: mais próximo; ^{3/}MD: mais distante.

Tabela 4 - Correlação entre as matrizes de dissimilaridade estabelecidos para genótipos de couve-de-folhas, UFVJM, Diamantina-MG, 2020.

Dendrograma	Correlação entre as matrizes de dissimilaridade		
	Quantitativo	Qualitativo	Conjunto
Quantitativo	-	0,51 ^{**}	0,90 ^{**}
Qualitativo		-	0,84 ^{**}
Conjunto			-

^{**} Significativo pelo Teste de Mantel com 1000 simulações.

5 CONCLUSÃO GERAL

A estimativa dos parâmetros genéticos da população de couve-de-folhas estudada demonstra a presença de variabilidade genética e a possibilidade de seleção de genótipos promissores de couve-de-folhas para compor o terceiro ciclo de seleção.

A seleção individual para as principais características de programas de melhoramento da couve-de-folhas proporciona ganhos satisfatórios para próximo ciclo. A seleção de genótipos para o acréscimo no número de folhas acarretará na diminuição de características relacionadas à dimensão das folhas.

Há divergência genética entre os genótipos avaliados em segundo ciclo de seleção recorrente e é possível a seleção de progênies para compor o terceiro ciclo de seleção.

As progênies de meios-irmãos P1, P2, P3, P4, P5, P9, P11, P15, P18, P20 devem ser priorizadas para compor a população recombinante para o terceiro ciclo de seleção recorrente, pois além da divergência apresentam características de interesse para o programa de melhoramento da couve-de-folhas.

As cultivares comerciais foram os genótipos mais divergentes pelas técnicas de multivariadas estudadas.

